(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) **1-0037052**

(51)[7] **A61K 39/39**; A61K 38/26; A61K 39/00; C07K 16/28; A61K 39/395; A61K 9/00; A61K 38/17

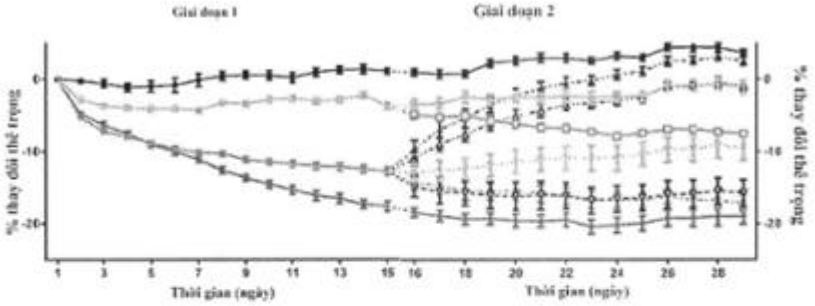
(13) **B**

(21) 1-2018-03161
(22) 21/12/2016
(86) PCT/US2016/068138 21/12/2016
(87) WO 2017/112824 29/06/2017
(30) 62/387,486 23/12/2015 US; 62/337,799 17/05/2016 US; 62/420,415 10/11/2016 US
(45) 25/09/2023 426
(43) 25/12/2018 369A
(73) AMGEN INC. (US)
One Amgen Center Drive, M/S 28-2-C, Thousand Oaks, California 91320-1799, United States of America
(72) YIE, Junming (US); SHI, Donghui (US); LLOYD, David J. (GB); WANG, Jinghong (CN); SIVITS, JR., Glenn N. (US); VENIANT-ELLISON, Murielle M. (US); KOMOROWSKI, Renee (US); AGRAWAL, Neeraj (IN); BATES, Darren L. (US); CLAVETTE, Brandon C. P. (CA); FOLTZ, Ian N. (US); HO, Shu-yin (US); MURAWSKY, Christopher (CA); MIN, Xiaoshan (CN); WANG, Zhulun (US).
(74) Công ty TNHH Tầm nhìn và Liên danh (VISION & ASSOCIATES CO.LTD.)

(54) PROTEIN GẮN KẾT KHÁNG NGUYÊN ĐƯỢC PHÂN LẬP MÀ GẮN KẾT ĐẶC HIỆU VỚI POLYPEPTIT CỦA THỤ THỂ PEPTIT ỨC CHẾ DẠ DÀY CỦA NGƯỜI (GIPR) VÀ DƯỢC PHẨM CHỨA PROTEIN NÀY

(57) Sáng chế đề cập đến protein gắn kết kháng nguyên được phân lập mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR mà hữu dụng để điều trị các bệnh và rối loạn chuyển như bệnh tiểu đường typ 2, bệnh béo phì, rối loạn lipit huyết, tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin và bệnh thần kinh do tiểu đường. Theo các phương án nhất định, protein gắn kết kháng nguyên được sử dụng kết hợp với chất chủ vận thụ thể GLP-1. Sáng chế còn đề cập đến dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên được phân lập mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR này.

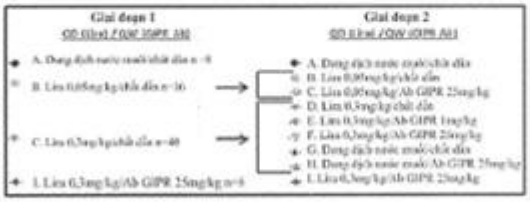
Thể trọng - các đồ thị kết hợp



Giai đoạn 1

ANCOVA

Ngày	A vs B	A vs C	A vs D
2	***	***	***
3	**	***	***
4	**	***	***
5	*	***	***
6	**	***	***
7	***	***	***
8	***	***	***
9	***	***	***
10	**	***	***
11	***	***	***
12	***	***	***
13	***	***	***
14	***	***	***
15	***	***	***



Giai đoạn 2

ANCOVA

Ngày	A vs I	B vs C	D vs E	D vs F	G vs H
16	***	ns	ns	ns	ns
17	***	ns	ns	ns	ns
18	***	ns	ns	ns	ns
19	***	ns	ns	ns	ns
20	***	ns	ns	ns	ns
21	***	ns	ns	ns	ns
22	***	ns	ns	*	ns
23	***	ns	ns	*	ns
24	***	ns	ns	*	ns
25	***	*	ns	*	ns
26	***	*	ns	*	ns
27	***	*	ns	**	ns
28	***	*	ns	**	ns
29	***	*	ns	**	ns

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến phương pháp điều trị hoặc làm thuyên giảm rối loạn chuyển hóa, như bệnh tiểu đường typ 2, tình trạng tăng glucoza, tình trạng tăng insulin, bệnh béo phì, bệnh gan nhiễm mỡ không do rượu, hoặc các bệnh tim mạch, bằng cách sử dụng protein gắn kết kháng nguyên đặc hiệu với thụ thể peptit ức chế dạ dày (gastric inhibitory peptit receptor-GIPR).

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Polypeptit kích thích tiết insulin phụ thuộc glucoza (Glucose-dependent insulinotropic polypeptit-GIP) là một peptit đơn gồm 42 axit amin được tế bào K trong ruột non (tá tràng và hỗng tràng) tiết ra. GIP của người được tạo ra từ quá trình xử lý tiền GIP, một tiền chất gồm 153 axit amin được mã hóa bởi gen nằm trên nhiễm sắc thể 17q (Inagaki et al., Mol Endocrinol 1989; 3:1014-1021; Fehmann et al. Endocr Rev. 1995; 16:390-410). GIP trước đây được gọi là polypeptit ức chế dạ dày.

Quá trình tiết GIP được cảm ứng bởi sự tiếp nhận thức ăn. GIP có một số tác dụng sinh lý ở các mô, bao gồm thúc đẩy sự tích trữ mỡ ở các tế bào tạo mỡ và thúc đẩy chức năng của các tế bào β đảo tụy và thúc đẩy việc tiết insulin phụ thuộc glucoza. GIP và polypeptit giống glucagon 1 (glucagon like polypeptit-1-GLP-1) được biết đến là các yếu tố kích thích tiết insulin ("incretin"). GIP nguyên vẹn nhanh chóng bị thoái biến thành dạng bất hoạt bởi DPPIV. Tác dụng kích thích tiết insulin của GIP bị mất ở các bệnh nhân bị bệnh tiểu đường typ 2 trong khi đó tác dụng incretin của GLP-1 vẫn còn nguyên (Nauck et al. J. Clinc. Invest. 1993; 91:301-307).

Thụ thể GIP (GIP receptor-GIPR) là một thành viên của họ secretin-glucagon gồm các thụ thể liên kết với protein G (G-protein coupled receptor-GPCR) có đầu N ngoại bào, bảy vùng gấp xuyên màng và đầu C nội bào. Các vùng gấp ngoại bào ở đầu N của họ thụ thể này thường được glycosyl hóa và tạo ra vùng gấp gắn kết và nhận diện của thụ thể. GIPR được biểu hiện nhiều ở một số mô, bao gồm tụy, ruột, mô mỡ, tim, tuyến yên, vỏ tuyến thượng thận, và não (Usdin et al., Endocrinology. 1993, 133:2861-2870). GIPR

của người gồm 466 axit amin và được mã hóa bởi gen nằm trên nhiễm sắc thể 19q13.3 (Gremlich et al., Diabetes. 1995; 44:1202-8; Volz et al., FEBS Lett. 1995, 373:23-29). Các nghiên cứu đã chỉ ra rằng quá trình cắt nối mARN có lựa chọn dẫn đến tạo ra các biến thể thụ thể GIP có chiều dài khác nhau ở người, chuột cống và chuột nhắt.

Chuột nhắt bất hoạt gen GIPR ($Gipr^{-/-}$) không bị tăng cân bởi chế độ ăn giàu chất béo và có các profin lipit và độ nhạy insulin được cải thiện. (Yamada et al., Diabetes. 2006, 55:S86; Miyawaki et al. Nature Med. 2002, 8:738-742). Ngoài ra, chất đối kháng GIPR phân tử nhỏ mới SKL-14959 ngăn ngừa được bệnh béo phì và tình trạng kháng insulin. (Diabetologia 2008, 51:S373, 44th EASD Annual meeting poster).

Peptit giống glucagon 1 ("GLP-1") là một peptit gồm 31 axit amin được tạo ra từ gen tiền glucagon. Peptit này được tiết ra bởi các tế bào L trong ruột và được giải phóng khi đáp ứng với sự tiếp nhận thức ăn để cảm ứng quá trình tiết insulin từ các tế bào βcủa tụy (Diabetes 2004, 53:S3, 205-214). Ngoài các tác dụng incretin, GLP-1 cũng làm giảm tiết glucagon, làm chậm quá trình làm rỗng dạ dày và làm giảm nhu cầu calo (Diabetes Care, 2003, 26(10): 2929-2940). GLP-1 tạo ra tác dụng bằng cách hoạt hóa thụ thể GLP-1, mà thuộc thụ thể liên kết với protein G lớp B (Endocrinology. 1993, 133(4):1907-10). Chức năng của GLP-1 bị hạn chế do bị thoái biến nhanh bởi enzym DPP-IV, dẫn đến thời gian bán thải là gần hai phút. Gần đây, các chất chủ vận thụ thể GLP-1 có tác dụng kéo dài như exenatide, liraglutide, dulaglutide đã được phát triển và hiện đang được sử dụng trong lâm sàng để cải thiện việc kiểm soát đường huyết ở các bệnh nhân bị bệnh tiểu đường typ 2. Hơn nữa, các chất chủ vận thụ thể GLP-1 cũng thúc đẩy việc giảm thể trọng cũng như là giảm huyết áp và lượng cholesterol trong huyết tương ở bệnh nhân (Bioorg. Med. Chem.Lett 2013, 23:4011-4018).

Nói chung, các chất chủ vận này có liên quan đến bệnh béo phì và tình trạng kháng insulin chứng tỏ việc ức chế GIPR là một phương pháp hữu dụng để can thiệp vào quá trình điều trị cả khi làm liệu pháp đơn và khi kết hợp với GLP-1.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Theo một khía cạnh, sáng chế mô tả phương pháp điều trị đối tượng bị rối loạn chuyển hóa, phương pháp này bao gồm cho đối tượng sử dụng một lượng hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết kháng nguyên mà gắn kết đặc hiệu với protein có trình tự axit amin có ít nhất 90% trình tự axit amin đồng nhất với trình tự axit amin của GIPR. Theo một khía cạnh, sáng chế mô tả phương pháp điều trị đối tượng bị rối loạn chuyển hóa,

phương pháp này bao gồm cho đối tượng sử dụng một lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và một lượng hữu hiệu để điều trị của chất đối kháng GIPR mà gắn kết đặc hiệu với protein có trình tự axit amin có ít nhất 90% trình tự axit amin đồng nhất với trình tự axit amin của GIPR. Theo một phương án, rối loạn chuyển hóa này là rối loạn chuyển hóa glucoza. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm tăng glucoza huyết và việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm lượng glucoza trong huyết tương. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm tăng insulin huyết và việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm lượng insulin trong huyết tương. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm không dung nạp glucoza và việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm làm tăng khả năng dung nạp glucoza. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm tình trạng kháng insulin và việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm tình trạng kháng insulin. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm bệnh tiểu đường. Theo một phương án khác, đối tượng này bị béo phì. Theo một phương án khác, việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm thể trọng ở đối tượng bị béo phì. Theo một phương án khác, việc sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm tình trạng tăng thể trọng ở đối tượng bị béo phì. Theo một phương án khác, sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm khối lượng mỡ ở đối tượng bị béo phì. Theo một phương án khác, rối loạn chuyển hóa glucoza bao gồm tình trạng kháng insulin và sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm tình trạng kháng insulin ở đối tượng bị béo phì. Theo một phương án khác, sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm tình trạng gan nhiễm mỡ ở đối tượng bị béo phì có tình trạng gan nhiễm mỡ gia tăng. Theo một phương án khác, sử dụng protein gắn kết kháng nguyên làm giảm lượng mỡ trong gan ở đối tượng bị béo phì có lượng mỡ trong gan gia tăng.

Theo một khía cạnh sáng chế mô tả phương pháp điều trị bao gồm cho đối tượng sử dụng một lượng hữu hiệu để điều trị của ít nhất một chất chủ vận thụ thể GLP-1 kết hợp với sử dụng ít nhất một chất đối kháng GIPR để khi sử dụng cho đối tượng có các triệu chứng của rối loạn chuyển hóa thu được các tác dụng có lợi kéo dài.

Theo một phương án, việc sử dụng ít nhất một chất chủ vận thụ thể GLP-1 kết hợp với việc sử dụng ít nhất một chất đối kháng GIPR tạo ra các tác dụng có lợi kéo dài cho ít nhất một triệu chứng của rối loạn chuyển hóa.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR được kết hợp lại trước khi cho đối tượng sử dụng.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR được sử dụng liên tiếp cho đối tượng.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR là lượng hữu hiệu hiệp trợ.

Theo một phương án, tỷ lệ mol của chất chủ vận thụ thể GLP-1 so với chất đối kháng GIPR là nằm trong khoảng từ 1:1 đến 1:110, 1:1 đến 1:100, 1:1 đến 1:75, 1:1 đến 1:50, 1:1 đến 1:25, 1:1 đến 1:10, 1:1 đến 1:5, và 1:1. Theo một phương án, tỷ lệ mol của chất đối kháng GIPR so với chất chủ vận thụ thể GLP-1 là nằm trong khoảng từ 1:1 đến 1:110, 1:1 đến 1:100, 1:1 đến 1:75, 1:1 đến 1:50, 1:1 đến 1:25, 1:1 đến 1:10, và 1:1 đến 1:5.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 được sử dụng kết hợp với chất đối kháng GIPR ở tỷ lệ mol hữu hiệu để điều trị nằm trong khoảng từ 1:1,5 đến 1:150, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 1:2 đến 1:50.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR có mặt ở liều thấp hơn liều của từng hợp chất cần để điều trị tình trạng bệnh và/hoặc bệnh ít nhất khoảng 1,1 đến 1,4, 1,5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 lần.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 là GLP-1(7-37) hoặc chất tương tự GLP-1(7-37).

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 được chọn từ nhóm bao gồm exenatide, liraglutide, lixisenatide, albiglutide, dulaglutide, semaglutide, và taspoglutide.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 được chọn từ nhóm bao gồm GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184); GLP-1(7-36)-NH_2 (SEQ ID NO: 3185); liraglutide; albiglutide; taspoglutide; dulaglutide, semaglutide; LY2428757; desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-37) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3222); desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-octanoyl)-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3223); $Arg^{26,34}$,Lys^{38}(N^{ε}-(ω-carboxypentadecanoyl))-GLP-1(7-38) (SEQ ID NO: 3224); $Arg^{26,34}$,Lys^{36}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-36) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3225); $Aib^{8,35}$,$Arg^{26,34}$,Phe^{31}-GLP-1(7-36)) (SEQ ID NO: 3186); $HXaa_8EGTFTSDVSSYLEXaa_{22}Xaa_{23}AAKEFIXaa_{30}WLXaa_{33}Xaa_{34}G$ $Xaa_{36}Xaa_{37}$; trong đó Xaa_3 là A, V, hoặc G; Xaa_{22} là G, K, hoặc E; Xaa_{23} là Q hoặc K; Xaa_{30} là A hoặc E;

Xaa_{33} là V hoặc K; Xaa_{34} là K, N, hoặc R; Xaa_{36} là R hoặc G; và Xaa_{37} là G, H, P, hoặc không có mặt (SEQ ID NO: 3187); Arg^{34}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3188); Glu^{30}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3189); Lys^{22}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3190); $Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3191); Val^{8},Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3192); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3193); Val^{8},Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3194); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3195); Val^{8},Glu^{22},$Gly^{36}Pro^{37}$-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3196); $Gly^{8,36}$, Glu^{22},Lys^{33}, Asn^{34},Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3197); Val^{8},Glu^{22}, Lys^{33}, Asn^{34}, Gly^{36}, Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3198); $Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3199); Val^{8},Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3200); Val^{8},Glu^{22},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3201); và $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Asn^{34}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3202).

Theo một phương án khác, đối tượng này là động vật có vú. Theo một phương án khác, đối tượng này là người. Theo một phương án khác, GIPR là GIPR của người. Theo một phương án khác, việc sử dụng này là tiêm ngoài đường tiêu hóa. Theo một phương án khác, việc sử dụng này là tiêm dưới da.

Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến protein gắn kết kháng nguyên mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR của người và ức chế sự hoạt hóa GIPR bởi phối tử GIP. Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên ức chế phối tử GIP gắn kết với GIPR. Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên là protein gắn kết kháng nguyên của người. Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên là kháng thể của người. Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên là một kháng thể đơn dòng.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa ít nhất một protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phân tử axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất vectơ chứa phân tử axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất tế bào chủ chứa phân tử axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án

nêu trên hoặc vectơ chứa phân tử axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên. Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến protein gắn kết kháng nguyên mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR của người được biểu hiện bởi vectơ.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp sản xuất protein gắn kết kháng nguyên theo một phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên, phương pháp này bao gồm biểu hiện protein gắn kết kháng nguyên trong tế bào chủ mà tiết protein gắn kết kháng nguyên, và sau đó tinh chế protein gắn kết kháng nguyên từ môi trường nuôi cấy tế bào. Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến protein gắn kết kháng nguyên mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR của người được tinh chế từ tế bào chủ.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất protein gắn kết kháng nguyên theo phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên hoặc dược phẩm theo phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên dùng để điều trị.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig.1. Thể hiện thử nghiệm dược lực học trên chuột nhắt để thử nghiệm kháng thể kháng GIPR-thiết kế nghiên cứu.

Fig.2. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 gây đối kháng quá trình tiết insulin được cảm ứng bởi GIP

Fig.3. Thể hiện việc điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 - thiết kế nghiên cứu

Fig.4. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm tình trạng tăng thể trọng

Fig.5. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm khối lượng mỡ

Fig.6. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm trọng lượng mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn

Fig.7. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm lượng glucoza khi đói

Fig.8. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm lượng insulin

Fig.9. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm cải thiện khả năng dung nạp glucoza

Fig.10. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm tổng lượng cholesterol và triglyxerit trong huyết thanh

Fig.11. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm sự thay đổi vi nang trong tế bào gan và sự tích tụ lipit tương ứng

Fig.12. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm lượng triglyxerit và trọng lượng gan

Fig.13. Thể hiện tình trạng viêm giảm và lượng tế bào đại thực bào xâm nhiễm quanh các tế bào mỡ trong mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn giảm khi điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1

Fig.14A-14Q. Là các biểu đồ thể hiện tóm tắt hằng số tốc độ phân ly đo được (1/s) của các mẫu thử nghiệm gắn kết với ECD huGIPR cũng như là các giá trị IC60 của sự ức chế GIP gắn kết với ECD huGIPR.

Fig.15. Thể hiện họ 16H1 gắn kết với ECD huGIPR. 200nM ECD huGIPR gắn kết với kháng thể dê kháng huFc đã bắt giữ họ kháng thể 6H1 kháng huGIPR.

Fig.16. Thể hiện thử nghiệm dược lực học trên chuột nhắt để thử nghiệm kháng thể kháng GIPR - thiết kế nghiên cứu.

Fig.17. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 gây đối kháng quá trình tiết insulin do GIP.

Fig.18. Thể hiện việc điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 - thiết kế nghiên cứu

Fig.19. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm tình trạng tăng thể trọng

Fig.20. Thể hện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm cải thiện khả năng dung nạp glucoza

Fig.21. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm lượng glucoza và lượng insulin

Fig.22. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm trọng lượng gan

Fig.23. Thể hiện kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm tổng lượng cholesterol

Fig.24. Thể hiện việc điều trị chuột nhắt bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide - Thiết kế nghiên cứu

Fig.25. Thể hiện mức giảm thể trọng ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.26. Thể hiện sự giảm khối lượng mỡ đáng kể ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide.

Fig.27. Thể hiện khả năng hấp thu thức ăn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.28. Thể hiện trọng lượng gan, mỡ ở mào tinh hoàn và mỡ ở bẹn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.29. Thể hiện khả năng dung nạp glucoza ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.30. Thể hiện lượng glucoza trong máu ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.31. Thể hiện lượng insulin trong huyết tương ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.32. Thể hiện tổng lượng cholesterol trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.33. Thể hiện lượng leptin trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.34. Thể hiện lượng triglyxerit trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig.35. Thể hiện nghiên cứu ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

Fig.36. Thể hiện mức giảm thể trọng ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

Fig.37. Thể hiện khối lượng nạc và mỡ ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

Fig.38. Thể hiện sự hấp thu thức ăn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV.

Fig.39. Thể hiện lượng insulin, glucoza và khả năng dung nạp glucoza ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV.

Fig.40. Thể hiện tổng lượng cholesterol và triglyxerit trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV.

Fig.41. Thể hiện việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR ở chuột nhắt đã được điều trị trước đó bằng một chất tương tự GLP-1 - thiết kế nghiên cứu. Chuột nhắt bị béo

phì do chế độ ăn (Diet-induced Obese-DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hàng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể kháng GIPR (Ab). Nói chung nghiên cứu được chia thành hai giai đoạn: giai đoạn 1 gồm hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 gồm Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột nhắt được cho dùng ở giai đoạn 1. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột nhắt được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.42. (A) Thể trọng – biểu đồ kết hợp và (B) Thể trọng – biểu đồ riêng biệt. Chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và phần trăm thay đổi thể trọng hằng ngày được tính toán. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 xác định phần trăm thay đổi thể trọng khi đáp ứng với hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 xác định phần trăm thay đổi thể trọng của kháng thể kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột được cho dùng ở giai đoạn 1. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột nhắt được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.43. Thể hiện mức hấp thu thức ăn. Chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và mức hấp thu thức ăn được xác định trong 3 giai đoạn riêng biệt. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 xác định mức thay đổi hấp thu thức ăn khi bắt đầu dùng hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 xác định sự thay đổi hấp thu thức ăn lúc bắt đầu và kết thúc sử dụng Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột nhắt được cho dùng ở giai đoạn 1. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột nhắt được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.44. Insulin. Chuột nhắt béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và insulin được đo trong 3 giai đoạn riêng biệt. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 xác định lượng insulin trước khi dùng hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 xác định lượng insulin trước khi dùng Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột được cho dùng ở giai đoạn 1 và khi kết

thúc giai đoạn 2. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột nhắt được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.45. (A) Hóa học lâm sàng – các enzym gan. (B) Hóa học lâm sàng – Cholesterol và Triglyxerit. (C) Hóa học lâm sàng – NEFA và Glucoza. Chuột nhắt béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và lượng enzym gan, lượng lipit, lượng glucoza và axit béo không thiết yếu được đo trong 3 giai đoạn riêng biệt. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 xác định các lượng hóa học lâm sàng trước khi dùng hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 xác định các lượng hóa học lâm sàng trước khi dùng Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột nhắt được cho dùng ở giai đoạn 1 và khi kết thúc giai đoạn 2. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột nhắt được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.46. Thể hiện trọng lượng mô. Chuột nhắt béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và các mô được xác định trọng lượng khi thu gom mô lần cuối. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 gồm hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 gồm Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột được cho dùng ở giai đoạn 1 và khi kết thúc giai đoạn 2. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.47. Thể hiện (A) Lượng hocmon trong huyết tương. (B) Lượng hocmon trong huyết tương (tiếp). Chuột nhắt béo phì do chế độ ăn (DIO) được cho dùng hỗn hợp gồm 1) dung dịch nước muối dùng hằng ngày hoặc Liraglutide (Lira), và 2) chất dẫn dùng hằng tuần hoặc kháng thể (Ab) kháng GIPR và lượng hocmon của chuột nhắt được đo ở mẫu máu được lấy lần cuối. Nghiên cứu này được chia làm hai giai đoạn: Giai đoạn 1 gồm hai liều Liraglutide. Giai đoạn 2 bao gồm Ab kháng GIPR ngoài Liraglutide mà chuột được cho dùng ở giai đoạn 1 và khi kết thúc giai đoạn 2. Trong giai đoạn 1 và 2, một nhóm chuột được cho dùng đồng thời cả Liraglutide và Ab kháng GIPR để xác định phần trăm giảm trọng lượng tối đa.

Fig.48. Thể hiện thiết kế nghiên cứu điều trị bệnh mạn tính sử dụng Ab kháng GIPR trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát.

Fig.49. Thể hiện 2G10 làm giảm thể trọng trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát có hoặc không có dulaglutide.

Fig.50. Thể hiện một mình 2G10 làm giảm thể trọng trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát (mức ban đầu được bắt đầu lại vào ngày 15 trước khi bắt đầu điều trị bằng 2G10).

Fig.51. Thể hiện 2G10 ngăn ngừa tình trạng tăng lượng insulin và giảm lượng triglyxerit có hoặc không có Dulaglutide trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát bị để đói qua đêm (% thay đổi so với mức ban đầu).

Fig.52. Thể hiện 2G10 ngăn ngừa tình trạng tăng lượng insulin và giảm lượng triglyxerit có hoặc không có Dulaglutide trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát bị để đói qua đêm (số liệu chưa xử lý) sau giai đoạn điều trị (ngày 45).

Fig.53. Thể hiện 2G10 không làm ảnh hưởng xấu đến OGTT trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm có hoặc không có Dulaglutide sau giai đoạn điều trị (ngày 49).

Fig.54. Thể hiện 2G10 không tác động đến tổng lượng cholesterol, lượng LDL-C và HDL-C trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45).

Fig.55. Thể hiện 2G10 không tác động đến lượng glucoza ở khỉ cynomolgus bị béo phì có đường huyết bình thường được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45).

Fig.56. Thể hiện 2G10 không tác động đến lượng enzym gan trên khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45).

Fig.57. Thể hiện toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 2G10. A). Hai cặp phức hợp được kết hợp với nhau trong đơn vị bất đối. Các phân tử Fab 2G10 được thể hiện trong hình vẽ và có màu trắng và màu lục lam hoặc màu vàng đất và xanh lá cây đậm đối với tổ hợp chuỗi nặng và chuỗi nhẹ tương ứng của chúng. Vùng gấp huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi và màu cam, tương ứng. B). Hình vẽ cận cảnh của một phức hợp huGIPR-Fab 2G10. Các phân tử này được tô màu như trong hình vẽ A.

Fig.58. Thể hiện bề mặt chung gắn kết A). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các vòng CDR của Fab 2G10. Chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của Fab 2G10 được thể hiện trong hình vẽ với màu lục lam và màu trắng. Các vòng CDR của chuỗi nặng và

chuỗi nhẹ được tô màu theo thứ tự sau: CDR1: đỏ (HC) hoặc đỏ nhạt (LC); CDR2: xanh lá (HC) hoặc xanh lá nhạt (LC); và CDR3: xanh da trời (HC) hoặc xanh da trời nhạt (LC). huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi. B). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các gốc huGIPR. huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi và các gốc tương tác với Fab 2G10 được tô màu xanh da trời.

Fig.59. Thể hiện toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 2C2. A). Hai cặp phức hợp duy trì cấu hình đối song song trong đơn vị bất đối. Các phân tử Fab 2C2 được thể hiện trong hình vẽ và có màu trắng và xanh lục lam hoặc màu vàng đất và đậm đối với tổ hợp chuỗi nhẹ và chuỗi nặng tương ứng của chúng. Vùng gấp huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi hoặc cam. B). Hình vẽ cận cảnh của một phức hợp huGIPR-Fab 2C2. Các phân tử được tô màu như trong panô A.

Fig.60. Thể hiện bề mặt chung gắn kết. A). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các vòng CDR của Fab 2C2. Chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của Fab 2C2 được thể hiện trên hình vẽ với màu xanh lục lam và trắng. Các vòng CDR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được tô màu theo thứ tự sau: CDR1: đỏ (HC) hoặc đỏ nhạt (LC); CDR2: xanh lá cây (HC) hoặc xanh lá cây nhạt (LC); và CDR3: xanh da trời (HC) hoặc xanh da trời nhạt (LC). huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi. B). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các gốc huGIPR. huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi và các gốc tương tác với Fab 2C2 được tô màu xanh da trời.

Fig.61. Thể hiện toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 6H1. Phân tử Fab được thể hiện trong hình vẽ và được tô màu trắng và xanh lục lam đối với tổ hợp chuỗi nặng và chuỗi nhẹ. Vùng gấp huGIPR được thể hiện bằng màu đỏ tươi.

Fig.62. Thể hiện bề mặt chung gắn kết. A). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các vòng CDR của Fab 6H1. Chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của Fab 6H1 được thể hiện trên hình vẽ bằng màu xanh lục lam và màu trắng. Các vòng CDR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được tô màu theo thứ tự sau: CDR1: đỏ (HC) hoặc đỏ nhạt (LC); CDR2: xanh lá cây (HC) hoặc xanh lá cây nhạt (LC); và CDR3: xanh da trời (HC) hoặc xanh da trời nhạt (LC). huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi. B). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các gốc huGIPR. huGIPR được thể hiện trong hình vẽ với màu đỏ tươi và các gốc tương tác với Fab 6H1 được tô màu xanh da trời.

Fig.63. Thể hiện toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 17H11. Phân tử Fab được thể hiện trên hình vẽ và được tô màu trắng hoặc xanh lục lam đối với tổ hợp chuỗi nhẹ và chuỗi nặng. Vùng gấp huGIPR được thể hiện bằng màu đỏ tươi.

Fig.64. Thể hiện bề mặt chung gắn kết. A). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các vòng CDR của Fab 17H11. Chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của Fab 17H11 được thể hiện trên hình vẽ bằng màu xanh lục lam và trắng. Các vòng CDR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được tô màu theo thứ tự sau: CDR1: đỏ (HC) hoặc đỏ nhạt (LC); CDR2: xanh lá cây (HC) hoặc xanh lá cây nhạt (LC); và CDR3: xanh da trời (HC) hoặc xanh da trời nhạt (LC). huGIPR được thể hiện trên hình vẽ với màu đỏ tươi. B). Hình vẽ cận cảnh của bề mặt chung gắn kết thể hiện các gốc huGIPR. huGIPR được thể hiện trên hình vẽ với màu đỏ tươi và các gốc tương tác với Fab 17H11 được tô màu xanh da trời.

Fig.65. Thể hiện sự trình diện epitop kháng thể trên bề mặt. Vùng gấp ECD GIPR được thể hiện sự trình diện trên bề mặt bằng màu hồng. Eitop cho bốn kháng thể, A) 2G10, B) 2C2, C) 6H1 và D) 17H11, được thể hiện bằng màu xanh da trời, xanh lá cây, xanh lục lam và cam tương ứng. Epitop cho Gipg013 (PDB: 4JH0) được thể hiện bằng màu đỏ trên hình vẽ E.

Mô tả chi tiết sáng chế

Sáng chế mô tả phương pháp điều trị rối loạn chuyển hóa, như rối loạn chuyển hóa glucoza (ví dụ, bệnh tiểu đường typ 2, tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin, rối loạn lipit huyết, hội chứng chuyển hóa (Hội chứng X hoặc hội chứng kháng insulin), glucoza niệu, nhiễm axit chuyển hóa, bệnh tiểu đường typ 1, bệnh béo phì và các tình trạng bệnh được gây ra bởi bệnh béo phì) bằng cách phong bế hoặc can thiệp vào hoạt tính sinh học của GIP. Theo một phương án, một lượng hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết với GIPR của người phân lập được sử dụng cho đối tượng cần điều trị. Các phương pháp sử dụng và phân phối cũng được đề xuất.

Các phương pháp tổng hợp axit nucleic và polypeptit tái tổ hợp được sử dụng ở đây, bao gồm trong các ví dụ, thường là các phương pháp được bộc lộ trong tài liệu Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) hoặc Current Protocols in Molecular Biology (Ausubel et al., eds., Green Publishers Inc. và Wiley và Sons 1994), cả hai tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn nhằm mục đích bất kỳ.

Các tiêu đề nêu ở đây là chỉ nhằm mục đích tạo bố cục và không được hiểu là làm giới hạn đối tượng được bộc lộ.

Trừ khi được quy định theo cách khác, các thuật ngữ khoa học và kỹ thuật được sử dụng trong sáng chế sẽ có nghĩa thường được hiểu bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này. Hơn nữa, trừ khi được quy định theo cách khác, các thuật ngữ số ít sẽ bao gồm cả nghĩa số nhiều và các thuật ngữ số nhiều sẽ bao gồm cả nghĩa số ít.

Nói chung, các thuật ngữ được sử dụng có liên quan đến, và các kỹ thuật gồm, nuôi cấy mô và tế bào, sinh học phân tử, miễn dịch, vi sinh, các kỹ thuật di truyền và phương pháp hóa học tổng hợp protein và axit nucleic và kỹ thuật lai được mô tả ở đây là đã biết rõ và thường được sử dụng trong lĩnh vực này. Các phương pháp và kỹ thuật theo sáng chế thường được tiến hành theo các phương pháp thông thường đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này và như được mô tả trong các tài liệu tham khảo chung và tài liệu tham khảo riêng được viện dẫn mà được viện dẫn và được đề cập trong bản mô tả sáng chế trừ khi được quy định theo cách khác. Xem tài liệu, ví dụ, Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3rd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (2001), Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Associates (1992), và Harlow và Lane Antibodies: A Laboratory Manual Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (1990), các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Các phản ứng enzym và các kỹ thuật tinh chế được tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất, như thường được tiến hành trong lĩnh vực kỹ thuật này hoặc như được mô tả ở đây. Thuật ngữ được sử dụng có liên quan, và các kỹ thuật và quy trình dùng trong phòng thí nghiệm, gồm hóa học phân tích, hóa học hữu cơ tổng hợp, và hóa dược và hóa y được mô tả ở đây là đã biết rõ và thường được sử dụng trong lĩnh vực kỹ thuật này. Các kỹ thuật chuẩn có thể được sử dụng trong các quy trình tổng hợp hóa học, phân tích hóa học, bào chế dược phẩm, bào chế, và phân phối, và điều trị bệnh nhân.

Cần hiểu rằng sáng chế không chỉ giới hạn ở phương pháp, quy trình và các chất phản ứng cụ thể, v.v. được mô tả ở đây và vì vậy có thể khác nhau. Thuật ngữ được sử dụng ở đây là chỉ nhằm mục đích mô tả các phương án cụ thể, và không được hiểu là làm giới hạn phạm vi của sáng chế được mô tả, phạm vi của sáng chế chỉ được xác định bởi yêu cầu bảo hộ.

Ngoài các ví dụ thực hiện, hoặc mặt khác đoạn bất kỳ được chỉ rõ, toàn bộ các con số thể hiện lượng của các thành phần hoặc các điều kiện phản ứng được sử dụng ở đây nên được hiểu là có thể được thay đổi trong tất cả các trường hợp bởi thuật ngữ "khoảng". Thuật ngữ "khoảng" nếu được sử dụng cùng với phần trăm có nghĩa là ±1%.

Theo quy ước, như được sử dụng ở đây các thuật ngữ chỉ số ít có nghĩa là "một hoặc nhiều" trừ khi được quy định cụ thể theo cách khác.

Như được sử dụng ở đây, các thuật ngữ "axit amin" và "gốc" có thể được thay thế cho nhau và, nếu được sử dụng trong trường hợp peptit hoặc polypeptit, được dùng để chỉ cả axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên và tổng hợp, cũng như là các phân tử tương tự axit amin, các phân tử bắt chước axit amin và axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên mà tương tự về mặt hóa học với axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên.

"Axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên" là một axit amin được mã hóa bởi mã di truyền, cũng như là các axit amin được mã hóa bởi mã di truyền bị cải biến sau quá trình tổng hợp, ví dụ, hydroxyprolin, γ-carboxyglutamat, và O-phosphoserin. Phân tử tương tự axit amin là một hợp chất có cấu trúc hóa học cơ bản giống axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên, tức là cacbon α được liên kết với hydro, nhóm carboxyl, nhóm amino, và nhóm R, ví dụ, homoserin, norleuxin, methionin sulfoxit, methionin metyl sulfoni. Các phân tử tương tự này có thể có các nhóm R cải biến (ví dụ, norleuxin) hoặc khung peptit cải biến, song vẫn giữ được cấu trúc hóa học cơ bản giống axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên.

"Phân tử bắt chước axit amin" là một hợp chất hóa học có cấu trúc khác cấu trúc hóa học chung của axit amin, song thực hiện chức năng theo cách tương tự với axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên. Các ví dụ bao gồm dẫn xuất methacryloyl hoặc acryloyl của amit, β-, γ-, δ-axit amin (như axit piperidin-4-carboxylic) và hợp chất tương tự.

"Axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên" là một hợp chất có cấu trúc hóa học cơ bản giống axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên, song không được hợp nhất thành chuỗi polypeptit trưởng thành nhờ phức hợp dịch mã. "Axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên" cũng bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, axit amin thu được bởi quá trình cải biến (ví dụ, các cải biến sau dịch mã) của axit amin được mã hóa trong tự nhiên (bao gồm nhưng không chỉ giới hạn ở, 20 axit amin thông thường) song bản thân chúng lại không được hợp nhất một cách tự nhiên thành chuỗi polypeptit trưởng thành bởi phức hợp dịch mã. Một danh mục không giới hạn các ví dụ về axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên có thể được gắn vào trình tự polypeptit hoặc thay thế cho gốc

kiểu dại trong trình tự polypeptit bao gồm β-axit amin, axit amin tương đồng, axit amin dạng vòng và axit amin có các mạch bên được tạo dẫn xuất. Ví dụ về axit amin này bao gồm (ở dạng L hoặc dạng D; được viết tắt như trong ngoặc đơn): citrullin (Cit), homocitrullin (hCit), Nα-metylcitrullin (NMeCit), Nα-metylhomocitrullin (Nα-MeHoCit), ornithin (Orn), Nα-Metylornithin (Nα-MeOrn hoặc NMeOrn), sarcosin (Sar), homolysin (hLys hoặc hK), homoarginin (hArg hoặc hR), homoglutamin (hQ), Nα-metylarginin (NMeR), Nα-metylleuxin (Nα-MeL hoặc NMeL), N-metylhomolysin (NMeHoK), Nα-metylglutamin (NMeQ), norleuxin (Nle), norvalin (Nva), 1,2,3,4-tetrahydroisoquinolin (Tic), axit octahydroindol-2-carboxylic (Oic), 3-(1-naphtyl)alanin (1-Nal), 3-(2-naphtyl)alanin (2-Nal), 1,2,3,4-tetrahydroisoquinolin (Tic), 2-indanylglyxin (IgI), para-iodophenylalanin (pI-Phe), para-aminophenylalanin (4AmP hoặc 4-Amino-Phe), 4-guanidino phenylalanin (Guf), glyxyllysin (được viết tắt là "K(Nε-glyxyl)" hoặc "K(glyxyl)" hoặc "K(gly)"), nitrophenylalanin (nitrophe), aminophenylalanin (aminophe hoặc Amino-Phe), benzylphenylalanin (benzylphe), axit γ-carboxyglutamic (γ-carboxyglu), hydroxyprolin (hydroxypro), p-carboxyl-phenylalanin (Cpa), axit α-aminoadipic (Aad), Nα-metyl valin (NMeVal), N-α-metyl leuxin (NMeLeu), Nα-metylnorleuxin (NMeNle), xyclopentylglyxin (Cpg), xyclohexylglyxin (Chg), axetylarginin (axetylarg), axit α, β-diaminopropionoic (Dpr), axit α, γ-diaminobutyric (Dab), axit diaminopropionic (Dap), xyclohexylalanin (Cha), 4-metyl-phenylalanin (MePhe), β, β-diphenyl-alanin (BiPhA), axit aminobutyric (Abu), 4-phenyl-phenylalanin (hoặc biphenylalanin; 4Bip), axit α-amino-isobutyric (Aib), beta-alanin, axit beta-aminopropionic, axit piperidinic, axit aminocaprioic, axit aminoheptanoic, axit aminopimelic, desmosin, axit diaminopimelic, N-etylglyxin, N-etylaspargin, hydroxylysin, allo-hydroxylysin, isodesmosin, allo-isoleuxin, N-metylglyxin, N-metylisoleuxin, N-metylvalin, 4-hydroxyprolin (Hyp), γ-carboxyglutamat, ε-N,N,N-trimetyllysin, ε-N-axetyllysin, O-phosphoserin, N-axetylserin, N-formylmethionin, 3-metylhistidin, 5-hydroxylysin, ω-metylarginin, axit 4-amino-O-phthalic (4APA), và axit amin tương tự khác, và các dạng dẫn xuất của axit amin bất kỳ trong số các axit amin được nêu cụ thể.

Thuật ngữ "phân tử axit nucleic phân lập" được dùng để chỉ polyme mạch đơn hoặc mạch kép gồm các bazơ deoxyribonucleotit hoặc ribonucleotit đọc từ đầu 5' đến đầu 3' (ví dụ, trình tự axit nucleic GIPR đề cập ở đây), hoặc dạng tương tự của nó, được

tách ra từ ít nhất khoảng 50% polypeptit, peptit, lipit, cacbohydrat, polynucleotit hoặc các nguyên liệu khác mà phát hiện thấy axit nucleic này trong tự nhiên khi tổng lượng axit nucliec được phân lập từ các tế bào nguồn. Tốt hơn là, phân tử axit nucleic phân lập hầu như không bị tạp nhiễm phân tử axit nucleic khác hoặc các phân tử khác mà được tìm thấy trong môi trường tự nhiên của axit nucleic làm ảnh hưởng đến việc sử dụng nó trong quá trình tổng hợp polypeptit hoặc sử dụng trong điều trị, chẩn đoán, phòng ngừa hoặc nghiên cứu.

Thuật ngữ "polypeptit phân lập" được dùng để chỉ polypeptit (ví dụ, trình tự polypeptit GIPR được đề cập ở đây hoặc protein gắn kết kháng nguyên theo sáng chế) mà được tách ra từ ít nhất khoảng 50 phần trăm polypeptit, peptit, lipit, cacbohydrat, polynucleotit, hoặc các nguyên liệu khác mà tìm thấy polypeptit này trong tự nhiên khi được phân lập từ tế bào nguồn. Tốt hơn là, polypeptit phân lập hầu như không chứa các polypeptit tạp nhiễm khác bất kỳ hoặc các tạp chất khác mà được tìm thấy trong môi trường tự nhiên của nó làm ảnh hưởng đến việc sử dụng nó để điều trị, chẩn đoán, phòng ngừa hoặc nghiên cứu.

Thuật ngữ "mã hóa" được dùng để chỉ trình tự polynucleotit mã hóa một hoặc nhiều axit amin. Thuật ngữ này không cần condon mở đầu hoặc kết thúc.

Thuật ngữ "đồng nhất" và phần trăm "đồng nhất," trong trường hợp hai hoặc nhiều trình tự axit nucleic hoặc polypeptit, được dùng để chỉ hai hoặc nhiều trình tự hoặc trình tự con mà giống nhau. "Phần trăm đồng nhất" có nghĩa là phần trăm các gốc giống nhau giữa axit amin hoặc nucleotit trong các phân tử so sánh và được tính toán dựa trên kích thước nhỏ nhất của các phân tử được so sánh. Đối với các tính toán này, các khoảng trống trong các trình tự sắp thẳng hàng (nếu có) có thể được giải quyết bằng mô hình toán học cụ thể hoặc chương trình máy tính (tức là, "thuật toán"). Các phương pháp mà có thể được sử dụng để tính toán mức đồng nhất của các axit nucleic hoặc polypeptit được sắp thẳng hàng bao gồm các phương pháp được bộc lộ trong tài liệu Computational Molecular Biology, (Lesk, A. M., ed.), (1988) New York: Oxford University Press; Biocomputing Informatics and Genome Projects, (Smith, D. W., ed.), 1993, New York: Academic Press; Computer Analysis of Sequence Data, Part I, (Griffin, A. M., và Griffin, H. G., eds.), 1994, New Jersey: Humana Press; von Heinje, G., (1987) Sequence Analysis in Molecular Biology, New York: Academic Press; Sequence Analysis Primer,

(Gribskov, M. và Devereux, J., eds.), 1991, New York: M. Stockton Press; và Carillo et al., (1988) SIAM J. Applied Math. 48:1073.

Để tính toán phần trăm đồng nhất, các trình tự cần so sánh được sắp thẳng hàng theo cách sao cho đạt được mức bắt cặp lớn nhất giữa các trình tự. Chương trình máy tính được sử dụng để tính toán phần trăm đồng nhất là khối chương trình GCG, mà bao gồm GAP (Devereux et al., (1984) Nucl. Acid Res. 12:387; Genetics Computer Group, University of Wisconsin, Madison, WI). Thuật toán máy tính GAP được sử dụng để sắp thẳng hàng hai polypeptit hoặc polynucleotit để xác định phần trăm đồng nhất trình tự. Các trình tự được sắp thẳng hàng để bắt cặp tối ưu với axit amin hoặc nucleotit tương ứng của chúng ("khoảng bắt cặp", như được xác định bằng thuật toán). Một điểm phạt mở khoảng trống (được tính toán là 3x đường chéo trung bình, trong đó "đường chéo trung bình" là trung bình của đường chéo của ma trận so sánh được sử dụng; "đường chéo" là điểm số hoặc số được gán cho mỗi vị trí bắt cặp axit amin hoàn hảo phù hợp bởi ma trận so sánh cụ thể) và điểm phạt kéo dài khoảng trống (mà thường bằng 1/10 lần điểm phạt mở khoảng trống), cũng như là ma trận so sánh như PAM 250 hoặc BLOSUM 62 được sử dụng kết hợp với thuật toán. Theo các phương án nhất định, ma trận so sánh chuẩn (xem tài liệu, Dayhoff et al., (1978) Atlas of Protein Sequence and Structure 5:345-352 đối với ma trận so sánh PAM 250; Henikoff et al., (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89:10915-10919 đối với ma trận so sánh BLOSUM 62) cũng được sử dụng bởi thuật toán.

Các thông số được khuyến cáo để xác định phần trăm đồng nhất giữa các polypeptit hoặc các trình tự nucleotit sử dụng chương trình GAP là như sau:

Thuật toán: Needleman et al., 1970, J. Mol. Biol. 48:443-453;

Ma trận so sánh: BLOSUM 62 from Henikoff et al., 1992, trên đây;

Điểm phạt khoảng trống: 12 (nhưng không có điểm phạt đối với các khoảng trống cuối)

Điểm phạt chiều dài khoảng trống: 4

Ngưỡng tương đồng: 0

Các sơ đồ sắp thẳng hàng nhất định để sắp thẳng hàng hai trình tự axit amin có thể dẫn đến việc khớp chỉ một vùng ngắn của hai trình tự, và vùng được sắp thẳng hàng nhỏ này có thể có mức tương đồng trình tự rất cao ngay cả khi hầu như không có mối quan hệ giữa hai trình tự có chiều dài đầy đủ. Do đó, phương pháp sắp thẳng hàng được chọn (ví

dụ, chương trình GAP) có thể được điều chỉnh nếu muốn để thu được mức sắp thẳng hàng mà kéo dài ít nhất 50 axit amin liền kề của polypeptit đích.

Thuật ngữ "polypeptit GIPR" và "protein GIPR" được sử dụng thay thế cho nhau và có nghĩa là polypeptit kiểu dại có nguồn gốc trong tự nhiên được biểu hiện ở động vật có vú, như người hoặc chuột nhắt, và bao gồm các alen có nguồn gốc trong tự nhiên (ví dụ, các dạng alen có nguồn gốc trong tự nhiên của protein GIPR của người). Vì các mục đích của sáng chế, thuật ngữ "polypeptit GIPR" có thể được sử dụng thay thế cho nhau để chỉ một polypeptit GIPR có chiều dài đầy đủ bất kỳ, ví dụ, SEQ ID NO: 3141 gồm 466 gốc axit amin và được mã hóa bởi trình tự nucleotit SEQ ID NO: 3142, hoặc SEQ ID NO: 3143 gồm 430 gốc axit amin và được mã hóa bởi trình tự axit nucleic SEQ ID NO: 3144, hoặc SEQ ID NO: 3145 gồm 493 gốc axit amin và được mã hóa bởi trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID NO: 3146, hoặc SEQ ID NO. 3147 gồm 460 gốc axit amin và được mã hóa bởi trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID NO: 3148, hoặc SEQ ID NO. 3149 gồm 230 gốc axit amin và được mã hóa bởi trình tự axit nucleic nêu trong SEQ ID NO: 3150.

Thuật ngữ "polypeptit GIPR" cũng bao gồm polypeptit GIPR trong đó trình tự polypeptit GIPR có nguồn gốc trong tự nhiên (ví dụ, SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145) đã được cải biến. Các cải biến như vậy bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, một hoặc nhiều thay thế axit amin, bao gồm các thay thế bằng axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên, phân tử tương tự axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên và phân tử bắt chước axit amin.

Theo các phương án khác, polypeptit GIPR bao gồm trình tự axit amin mà ít nhất khoảng 85 phần trăm đồng nhất với polypeptit GIPR có nguồn gốc trong tự nhiên (ví dụ, SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145). Theo các phương án khác, polypeptit GIPR gồm trình tự axit amin mà ít nhất khoảng 90%, hoặc khoảng 95, 96, 97, 98, hoặc 99% đồng nhất với trình tự axit amin của polypeptit GIPR có nguồn gốc trong tự nhiên (ví dụ, SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145). Các polypeptit GIPR như vậy tốt hơn là, song không nhất thiết phải, có ít nhất một hoạt tính của polypeptit GIPR kiểu dại, như khả năng gắn kết với GIP. Sáng chế cũng đề cập đến phân tử axit nucleic mã hóa trình tự polypeptit GIPR này.

Thuật ngữ "thử nghiệm hoạt tính GIPR" (cũng được dùng để chỉ là "thử nghiệm chức năng GIPR") có nghĩa là thử nghiệm có thể được sử dụng để đo lượng GIP hoặc

hoạt tính của protein gắn kết với GIP trong môi trường tế bào. Theo một phương án, thử nghiệm "hoạt tính" (hoặc "chức năng") có thể là thử nghiệm cAMP trong các tế bào biểu hiện GIPR, trong đó GIP có thể cảm ứng tín hiệu cAMP, và hoạt tính của GIP/protein gắn kết với GIPR có thể được đo khi có mặt/không có mặt phối tử GIP, trong đó có thể thu được IC50/EC50 và mức độ ức chế/hoạt hóa (Biochemical and Biophysical Research Communications (2002) 290:1420–1426). Theo một phương án khác, thử nghiệm "hoạt tính" (hoặc "chức năng") có thể là thử nghiệm tiết insulin ở tế bào beta tuyến tụy, trong đó GIP có thể cảm ứng quá trình tiết insulin phụ thuộc glucoza, và hoạt tính của GIP/protein gắn kết với GIPR có thể được đo khi có mặt/không có mặt phối tử GIP, trong đó có thể thu được IC50/EC50 và mức ức chế/hoạt hóa (Biochemical và Biophysical Research Communications (2002) 290:1420–1426).

Thuật ngữ "thử nghiệm gắn kết với GIPR" có nghĩa là thử nghiệm có thể được sử dụng để đánh giá khả năng gắn kết của GIP với GIPR. Theo một phương án, "thử nghiệm gắn kết với GIPR" có thể là thử nghiệm sử dụng FMAT hoặc FACS để đánh giá khả năng gắn kết của GIP được đánh dấu huỳnh quang với các tế bào biểu hiện GIPR, và hoạt tính của GIP/protein gắn kết với GIPR có thể được đo thay vì đánh giá khả năng gắn kết của GIP được đánh dấu huỳnh quang với các tế bào biểu hiện GIPR. Theo một phương án khác, "thử nghiệm gắn kết với GIPR" có thể là thử nghiệm đánh giá khả năng gắn kết của GIP được đánh dấu phóng xạ với các tế bào biểu hiện GIPR, và hoạt tính của GIP/protein gắn kết với GIPR có thể được đo thay vì đánh giá khả năng gắn kết của GIP được đánh dấu phóng xạ với các tế bào biểu hiện GIPR (Biochimica et Biophysica Acta (2001) 1547:143-155).

Thuật ngữ "GIP", "polypeptit ức chế dạ dày", "peptit kích thích tiết insulin phụ thuộc glucoza" và "phối tử GIP" được sử dụng thay thế cho nhau và có nghĩa là polypeptit kiểu dại có nguồn gốc trong tự nhiên được biểu hiện ở động vật có vú, như người hoặc chuột nhắt, và bao gồm các alen có nguồn gốc trong tự nhiên (ví dụ, các dạng alen có nguồn gốc trong tự nhiên của protein GIP của người). Vì các mục đích của sáng chế, thuật ngữ "GIP" có thể được sử dụng thay thế cho nhau để chỉ polypeptit GIP trưởng thành bất kỳ.

Trình tự có 42 axit amin của GIP trưởng thành của người là:

YAEGTFISDY SIAMDKIHQQ DFVNWLLAQK GKKNDWKHNI TQ (SEQ ID NO: 3151)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcatcagcag gattttgtga actggctgct ggcgcagaaa ggcaaaaaaa acgattggaa acataacatt acccag (SEQ ID NO: 3152).

Trình tự gồm 42 axit amin của GIP trưởng thành của chuột là:

YAEGTFISDY SIAMDKIRQQ DFVNWLLAQR GKKSDWKHNI TQ (SEQ ID NO: 3153)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcgccagcag gattttgtga actggctgct ggcgcagcgc ggcaaaaaaa gcgattggaa acataacatt acccag (SEQ ID NO: 3154).

Trình tự gồm 42 axit amin của GIP trưởng thành của chuột cống là:

YAEGTFISDY SIAMDKIRQQ DFVNWLLAQK GKKNDWKHNL TQ (SEQ ID NO: 3155)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcgccagcag gattttgtga actggctgctg gcgcagaaag gcaaaaaaaa cgattggaaa cataacctga cccag (SEQ ID NO: 3156).

"Protein gắn kết kháng nguyên" như được sử dụng ở đây có nghĩa là protein bất kỳ gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên đích cụ thể, như polypeptit GIPR (ví dụ, polypeptit GIPR của người như đề cập trong SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145). Thuật ngữ này bao gồm các kháng thể nguyên vẹn gồm ít nhất hai chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ và hai chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ, cũng như là các dẫn xuất, các biến thể, các đoạn, và các đột biến của chúng. Ví dụ về các đoạn kháng thể bao gồm Fab, Fab', $F(ab')_2$, và các đoạn Fv. Protein gắn kết kháng nguyên cũng bao gồm các kháng thể vùng gấp như kháng thể một vùng gấp và scFv như được mô tả dưới đây.

Nói chung, protein gắn kết kháng nguyên GIPR được cho là "gắn kết đặc hiệu" với GIPR kháng nguyên đích của nó khi protein gắn kết kháng nguyên hầu như không có khả năng gắn kết với các phân tử không phải GIPR. Tuy nhiên, protein gắn kết kháng nguyên gắn kết đặc hiệu với GIPR có thể phản ứng chéo với các polypeptit GIPR từ các loài khác. Thông thường, protein gắn kết kháng nguyên GIPR gắn kết đặc hiệu với GIPR của người khi hằng số phân ly (KD) $\leq 10^{-7}$ M như được đo bằng kỹ thuật cộng hưởng plasma bề mặt (ví dụ, BIACore, GE-Healthcare Uppsala, Sweden) hoặc thử nghiệm loại trừ động học (KinExA, Sapidyne, Boise, Idaho). Protein gắn kết kháng nguyên GIPR gắn

kết đặc hiệu với GIPR của người với "ái lực cao" khi KD $\leq 5x\ 10^{-9}$ M, và với "ái lực rất cao" khi KD $\leq 5x\ 10^{-10}$ M, như được đo bằng các phương pháp được mô tả.

"Vùng gắn kết kháng nguyên" có nghĩa là một protein, hoặc một phần protein, mà gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên cụ thể. Ví dụ, phần protein gắn kết kháng nguyên chứa gốc axit amin mà tương tác với kháng nguyên và tạo ra tính đặc hiệu và ái lực với kháng nguyên trên protein gắn kết kháng nguyên được gọi là "vùng gắn kết kháng nguyên." Vùng gắn kết kháng nguyên thường bao gồm một hoặc nhiều "vùng gắn kết bổ trợ" ("CDR") của globulin miễn dịch, globulin miễn dịch chuỗi đơn, hoặc kháng thể của họ lạc đà. Các vùng gắn kết kháng nguyên nhất định cũng bao gồm một hoặc nhiều vùng "khung". "CDR" là một trình tự axit amin mà góp phần tạo nên ái lực và tính đặc hiệu gắn kết với kháng nguyên. Các vùng "khung" có thể giúp duy trì cấu trúc thích hợp của các CDR để thúc đẩy sự gắn kết giữa vùng gắn kết kháng nguyên và kháng nguyên.

"Protein tái tổ hợp", bao gồm protein gắn kết kháng nguyên GIPR tái tổ hợp, là một protein được tạo ra bằng các kỹ thuật tái tổ hợp, tức là, thông qua việc biểu hiện axit nucleic tái tổ hợp như được mô tả ở đây. Các phương pháp và kỹ thuật để tổng hợp protein tái tổ hợp là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Thuật ngữ "kháng thể" được dùng để chỉ một globulin miễn dịch nguyên vẹn thuộc isotyp bất kỳ, hoặc một đoạn của nó mà có thể cạnh tranh với kháng thể nguyên vẹn để gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên đích, và bao gồm, ví dụ, các kháng thể khảm, kháng thể được làm tương thích với người, kháng thể của người đầy đủ, và kháng thể đặc hiệu kép. Vì thế "kháng thể" là loại protein gắn kết kháng nguyên. Một kháng thể nguyên vẹn thường bao gồm ít nhất hai chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ và hai chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ. Kháng thể có thể chỉ thu được từ một nguồn, hoặc có thể là "khảm," tức là, các phần khác nhau của kháng thể có thể thu được từ hai kháng thể khác nhau như được mô tả thêm dưới đây. Các protein gắn kết kháng nguyên, kháng thể, hoặc đoạn gắn kết có thể được tổng hợp trong các tế bào lai, bằng các kỹ thuật ADN tái tổ hợp, hoặc bằng cách phân cắt kháng thể nguyên vẹn bằng enzym hoặc bằng phương pháp hóa học.

Thuật ngữ "chuỗi nhẹ" như được sử dụng đối với kháng thể hoặc các đoạn của nó bao gồm một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và các đoạn của nó có trình tự vùng biến đổi đủ để tạo ra tính đặc hiệu gắn kết. Một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ bao gồm một vùng gấp trên vùng biến đổi, VL, và một vùng gấp trên vùng cố định, CL. Vùng gấp trên vùng

biến đổi của chuỗi nhẹ nằm ở đầu amino của polypeptit. Các chuỗi nhẹ bao gồm các chuỗi kappa và các chuỗi lamda.

Thuật ngữ "chuỗi nặng" như được sử dụng đối với kháng thể hoặc đoạn của nó bao gồm một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ và các đoạn của nó có trình tự vùng biến đổi đủ để tạo ra tính đặc hiệu gắn kết. Một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ bao gồm một vùng gấp trên vùng biến đổi, VH, và ba vùng gấp trên vùng cố định, CH1, CH2, và CH3. Vùng gấp VH nằm ở đầu amino của polypeptit, và các vùng gấp CH nằm ở đầu carboxyl, trong đó CH3 nằm gần nhất với đầu carboxy của polypeptit. Các chuỗi nặng có thể thuộc isotyp bất kỳ, bao gồm IgG (kể cả các typ phụ IgG1, IgG2, IgG3 và IgG4), IgA (bao gồm các typ phụ IgA1 và IgA2), IgM và IgE.

Thuật ngữ "đoạn có chức năng miễn dịch" (hoặc đơn giản gọi là "đoạn") của kháng thể hoặc chuỗi globulin miễn dịch (chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ), như được sử dụng ở đây, là một protein gắn kết kháng nguyên bao gồm một phần (bất kể cách tạo ra hoặc tổng hợp đoạn đó) của kháng thể thiếu ít nhất một vài axit amin có mặt trong chuỗi có chiều dài đầy đủ mà có khả năng gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên. Các đoạn này có hoạt tính sinh học ở chỗ chúng có thể gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên đích và có thể cạnh tranh với các protein gắn kết kháng nguyên khác, kể cả các kháng thể nguyên vẹn, để gắn kết đặc hiệu với một epitop nhất định.

Các đoạn có hoạt tính sinh học này có thể được tạo ra bằng các kỹ thuật ADN tái tổ hợp, hoặc có thể được tạo ra bằng cách phân cắt bằng enzym hoặc bằng phương pháp hóa học protein gắn kết kháng nguyên, kể cả các kháng thể nguyên vẹn. Các đoạn globulin miễn dịch có chức năng miễn dịch bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các đoạn Fab, Fab', và $F(ab')_2$.

Theo một phương án khác, các Fv, các kháng thể vùng gấp và các scFv, và có thể thu được từ kháng thể theo sáng chế.

Cũng được bao gồm là một phần có chức năng của protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây, ví dụ, một hoặc nhiều CDR, có thể được liên kết cộng hóa trị với một protein thứ hai hoặc với một phân tử nhỏ để tạo ra chất điều trị hướng đến một đích cụ thể trong cơ thể, có các đặc tính điều trị có chức năng kép, hoặc có thời gian bán thải trong huyết thanh kéo dài.

Một "đoạn Fab" bao gồm một chuỗi nhẹ và CH1 và các vùng biến đổi của một chuỗi nặng. Chuỗi nặng của phân tử Fab không thể tạo ra liên kết disulfua với một phân tử chuỗi nặng khác.

Vùng "Fc" chứa hai đoạn chuỗi nặng bao gồm các vùng gấp CH2 và CH3 của kháng thể. Hai đoạn chuỗi nặng được giữ với nhau bởi hai hoặc nhiều liên kết disulfua và bằng các tương tác kỵ nước của các vùng gấp CH3.

"Đoạn Fab'" chứa một chuỗi nhẹ và một phần của một chuỗi nặng mà chứa vùng gấp VH và vùng gấp CH1 và cả vùng giữa các vùng gấp CH1 và CH2, vì thế liên kết disulfua liên chuỗi có thể được tạo thành giữa hai chuỗi nặng của hai đoạn Fab để tạo thành phân tử F(ab')2.

"Đoạn F(ab')2" chứa hai chuỗi nhẹ và hai chuỗi nặng chứa một phần của vùng cố định giữa các vùng gấp CH1 và CH2, vì thế liên kết disulfua liên chuỗi được tạo thành giữa hai chuỗi nặng. Do đó, đoạn F(ab')2 bao gồm hai đoạn Fab' được giữ với nhau bằng liên kết disulfua giữa hai chuỗi nặng.

"Vùng Fv" bao gồm các vùng biến đổi từ cả chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, nhưng không có các vùng cố định.

"Các kháng thể chuỗi đơn" hoặc "scFv" là các phân tử Fv trong đó các vùng biến đổi chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được liên kết với nhau bằng yếu tố liên kết linh động để tạo thành chuỗi polypeptit đơn, mà tạo thành vùng gắn kết kháng nguyên. Các scFv được bàn luận chi tiết trong công bố đơn quốc tế số WO 88/01649 và patent Mỹ số 4,946,778 và 5,260,203, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

"Kháng thể vùng gấp" hoặc "globulin miễn dịch chuỗi đơn" là một đoạn globulin miễn dịch có chức năng miễn dịch chỉ chứa vùng biến đổi của chuỗi nặng hoặc vùng biến đổi của chuỗi nhẹ. Các ví dụ về kháng thể vùng gấp bao gồm Nanobodies®. Trong một vài trường hợp, hai hoặc nhiều vùng VH được liên kết cộng hóa trị với yếu tố liên kết peptit để tạo thành kháng thể vùng gấp hóa trị hai. Hai vùng VH của kháng thể vùng gấp hóa trị hai có thể hướng đích tới cùng một kháng nguyên hoặc các kháng nguyên khác nhau.

"Protein gắn kết kháng nguyên hóa trị hai" hoặc "kháng thể hóa trị hai" bao gồm hai vùng gắn kết kháng nguyên. Trong một vài trường hợp, hai vùng gắn kết có cùng tính đặc hiệu kháng nguyên. Protein gắn kết kháng nguyên hóa trị hai và các kháng thể hóa trị hai có thể có tính đặc hiệu kép, xem, dưới đây.

"Protein gắn kết kháng nguyên đa đặc hiệu" hoặc "kháng thể đa đặc hiệu" là phân tử nhằm vào nhiều hơn một kháng nguyên hoặc hoặc epitop.

Protein gắn kết kháng nguyên hoặc kháng thể "đặc hiệu kép," "đặc hiệu đôi" hoặc "chức năng kép" là một protein gắn kết kháng nguyên hoặc kháng thể lai, tương ứng, có hai vị trí gắn kết kháng nguyên khác nhau. Protein gắn kết kháng nguyên và kháng thể đặc hiệu kép là một loại protein gắn kết kháng nguyên đa đặc hiệu hoặc kháng thể đa đặc hiệu và có thể được tạo ra bằng nhiều phương pháp bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, dung hợp các tế bào lai hoặc liên kết các đoạn Fab'. Xem tài liệu, ví dụ, Songsivilai và Lachmann, 1990, Clin. Exp. Immunol. 79:315-321; Kostelny et al., 1992, J. Immunol. 148:1547-1553. Hai vị trí gắn kết của protein gắn kết kháng nguyên hoặc kháng thể đặc hiệu kép sẽ gắn kết với hai epitop khác nhau, hai epitop này có thể nằm trên cùng một đích hoặc các đích protein khác nhau.

Thuật ngữ "cạnh tranh" nếu được sử dụng trong trường hợp protein gắn kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể) có nghĩa là sự cạnh tranh giữa các protein gắn kết kháng nguyên được xác định bởi thử nghiệm trong đó protein gắn kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể hoặc đoạn có chức năng miễn dịch của chúng) cần thử nghiệm ngăn ngừa hoặc ức chế sự gắn kết đặc hiệu của protein gắn kết kháng nguyên đối chứng với một kháng nguyên chung (ví dụ, GIPR hoặc một đoạn của nó). Nhiều loại thử nghiệm gắn kết cạnh tranh có thể được sử dụng, ví dụ: thử nghiệm miễn dịch phóng xạ trực tiếp hoặc gián tiếp trên pha rắn (radioimmunoassay-RIA), thử nghiệm miễn dịch enzym trực tiếp hoặc gián tiếp trên pha rắn (enzyme immunoassay-EIA), thử nghiệm bánh kẹp cạnh tranh (xem tài liệu, ví dụ, Stahli et al., 1983, Methods in Enzymology 9:242-253); EIA biotin-avidin trực tiếp trên pha rắn (xem tài liệu, ví dụ, Kirkland et al., 1986, J. Immunol. 137:3614-3619), thử nghiệm đánh dấu trực tiếp trên pha rắn, thử nghiệm bánh kẹp đánh dấu trực tiếp trên pha rắn (xem tài liệu, ví dụ, Harlow và Lane, 1988, Antibodies, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press); RIA đánh dấu trực tiếp trên pha rắn bằng cách sử dụng phân tử đánh dấu I-125 (xem tài liệu, ví dụ, Morel et al., 1988, Molec. Immunol. 25:7-15); EIA biotin-avidin trực tiếp trên pha rắn (xem tài liệu, ví dụ, Cheung, et al., 1990, Virology 176:546-552); và RIA đánh dấu trực tiếp (Moldenhauer et al., 1990, Scand. J. Immunol. 32:77-82). Thông thường, thử nghiệm như vậy bao gồm sử dụng kháng nguyên đã tinh chế gắn kết với về mặt rắn hoặc tế bào mang một trong hai kháng nguyên, protein gắn kết kháng nguyên thử nghiệm không được đánh dấu và protein gắn

kết kháng nguyên đối chứng được đánh dấu. Ức chế cạnh tranh được đánh giá bằng cách xác định lượng phân tử đánh dấu gắn kết với bề mặt rắn hoặc các tế bào khi có mặt protein gắn kết kháng nguyên thử nghiệm. Thông thường protein gắn kết kháng nguyên thử nghiệm có mặt với lượng dư. Mộ tả chi tiết hơn về các phương pháp xác định mức gắn kết cạnh tranh được đề cập trong các ví dụ ở đây. Thông thường, nếu protein gắn kết kháng nguyên cạnh tranh có mặt với lượng dư, thì nó sẽ ức chế sự gắn kết đặc hiệu của protein gắn kết kháng nguyên đối chứng với một kháng nguyên thông thường ít nhất 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70% hoặc 75%. Trong một vài trường hợp, sự gắn kết này được ức chế bởi ít nhất 80%, 85%, 90%, 95%, hoặc 97% hoặc nhiều hơn.

Thuật ngữ "kháng nguyên" được dùng để chỉ phân tử hoặc một phần của phân tử có khả năng được gắn kết với chất gắn kết chọn lọc, như protein gắn kết kháng nguyên (bao gồm, ví dụ, kháng thể), và ngoài ra có khả năng được sử dụng ở động vật để tạo ra kháng thể có khả năng gắn kết với kháng nguyên đó. Kháng nguyên có thể có một hoặc nhiều epitop có khả năng tương tác với các protein gắn kết kháng nguyên khác nhau, ví dụ, kháng thể.

Thuật ngữ "epitop" là một phần của một phân tử gắn kết với protein gắn kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể). Thuật ngữ này bao gồm quyết định bất kỳ có khả năng gắn kết đặc hiệu với protein gắn kết kháng nguyên, như kháng thể. Epitop có thể là liên tục hoặc không liên tục (gián đoạn) (ví dụ, trong một polypeptit, các gốc axit amin mà không liền kề với nhau trong trình tự polypeptit song lại liền kề trong trường hợp phân tử được liên kết bởi protein gắn kết kháng nguyên). Epitop cấu hình là một epitop mà tồn tại trong cấu hình của một protein có hoạt tính song không có mặt trong protein đã bị biến tính. Theo các phương án nhất định, các epitop có thể bắt chước ở chỗ chúng có cấu trúc ba chiều tương tự với một epitop được sử dụng để tạo ra protein gắn kết kháng nguyên, song không chứa hoặc chỉ chứa một vài trong số các gốc axit amin được tìm thấy trong epitop đó được sử dụng để tạo ra protein gắn kết kháng nguyên. Thông thường nhất, các epitop nằm trên các protein, tuy nhiên ở một vài trường hợp các epitop này có thể nằm trên các loại phân tử khác, như các axit nucleic. Các quyết định epitop có thể bao gồm các nhóm phân tử trên bề mặt có hoạt tính hóa học như axit amin, các mạch bên của đường, các nhóm phosphoryl hoặc sulfonyl, và có thể có các đặc tính riêng của cấu trúc ba chiều, và/hoặc các đặc tính điện tích riêng. Nói chung, protein gắn kết kháng nguyên đặc hiệu

với kháng nguyên đích cụ thể sẽ ưu tiên nhận diện epitop trên kháng nguyên đích trong hỗn hợp phức hợp của các protein và/hoặc các phân tử lớn.

Như được sử dụng ở đây, "hầu như tinh khiết" có nghĩa là loại phân tử được mô tả là loại có mặt chủ yếu, tức là, tính theo phân tử gam loại phân tử này nhiều hơn so với từng loại khác trong cùng một hỗn hợp. Theo các phương án nhất định, phân tử gần như tinh khiết là một thành phần trong đó loại phân tử mục tiêu chiếm ít nhất 50% (tính theo phân tử gam) trong số toàn bộ các loại phân tử lớn có mặt. Theo các phương án khác, thành phần gần như tinh khiết sẽ chiếm ít nhất 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% của toàn bộ các loại phân tử lớn có mặt trong chế phẩm. Theo các phương án khác, loại phân tử mục tiêu được tinh chế đến mức gần như thuần nhất, trong đó các chất tạp nhiễm không được phát hiện trong chế phẩm bằng các phương pháp phát hiện thông thường và do đó chế phẩm chỉ bao gồm một loại đại phân tử có thể phát hiện được.

Thuật ngữ "điều trị" được dùng để chỉ một dấu hiệu thành công bất kỳ trong việc điều trị hoặc làm thuyên giảm tổn thương, bệnh hoặc tình trạng bệnh, kể cả thông số khách quan và chủ quan bất kỳ như sự giảm bớt; sự thuyên giảm; sự giảm các triệu chứng hoặc khiến cho sự tổn thương, bệnh hoặc tình trạng bệnh trở nên tốt hơn đối với bệnh nhân; làm chậm tốc độ suy biến hoặc kiệt sức; làm cho điểm suy biến cuối cùng bớt suy giảm; cải thiện tình trạng thể chất hoặc tinh thần của người bệnh. Việc điều trị hoặc làm thuyên giảm các triệu chứng có thể được dựa trên các thông số khách quan hoặc chủ quan; bao gồm các kết quả xét nghiệm thể chất, các xét nghiệm thần kinh tâm thần, và/hoặc đánh giá tâm thần. Ví dụ, các phương pháp nhất định nêu ở đây điều trị thành công bệnh tim mạch như bệnh xơ vữa động mạch bằng cách làm giảm tỷ lệ mắc bệnh tim mạch, làm thuyên giảm bệnh tim mạch và/hoặc cải thiện triệu chứng có liên quan đến bệnh tim mạch.

"Lượng hữu hiệu" nói chung là lượng đủ để làm giảm mức độ nghiêm trọng và/hoặc tần suất của các triệu chứng, làm giảm triệu chứng và/hoặc nguyên nhân cơ bản, ngăn ngừa sự xuất hiện các triệu chứng và/hoặc nguyên nhân cơ bản, và/hoặc cải thiện hoặc giải quyết tổn thương do hoặc có liên quan đến tình trạng bệnh (ví dụ, bệnh tiểu đường, bệnh béo phì, rối loạn lipit huyết, tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin hoặc bệnh thần kinh do tiểu đường. Theo một vài phương án, lượng hữu hiệu là lượng hữu hiệu để điều trị hoặc lượng hữu hiệu để phòng ngừa. "Lượng hữu hiệu để điều trị" là lượng đủ để chữa trị tình trạng bệnh (ví dụ, bệnh xơ vữa động mạch) hoặc

các triệu chứng, cụ thể là tình trạng bệnh hoặc các triệu chứng có liên quan đến tình trạng bệnh, hoặc mặt khác ngăn ngừa, cản trở, trì hoãn hoặc đảo ngược sự tiến triển tình trạng bệnh hoặc triệu chứng không mong muốn khác có liên quan đến bệnh theo cách bất kỳ. "Lượng hữu hiệu để phòng bệnh" là một lượng dược phẩm mà, nếu được sử dung cho đối tượng, sẽ có tác dụng phòng bệnh mong muốn, ví dụ, ngăn ngừa hoặc làm chậm sự khởi phát (hoặc sự tái phát) của tình trạng bệnh, hoặc làm giảm khả năng khởi phát (hoặc tái phát) của tình trạng bệnh hoặc các triệu chứng có liên quan. Tác dụng điều trị bệnh hoặc phòng bệnh đầy đủ không nhất thiết phải đạt được bằng cách sử dụng một liều, và có thể chỉ đạt được sau khi sử dụng một loạt các liều. Do đó, lượng hữu hiệu để điều trị hoặc phòng bệnh có thể được sử dụng một hoặc nhiều lần.

Thuật ngữ "liều hữu hiệu để điều trị" và "lượng hữu hiệu để điều trị," như được sử dụng ở đây, có nghĩa là lượng protein gắn kết với GIPR để gây ra đáp ứng y học hoặc sinh học trong hệ mô, động vật, hoặc người được tìm kiếm bởi người nghiên cứu, bác sĩ, hoặc nhà lâm sàng khác, mà bao gồm làm dịu hoặc làm thuyên giảm các triệu chứng của bệnh hoặc rối loạn được điều trị, tức là lượng protein gắn kết với GIPR để xác định lượng có thể phát hiện được của một thoặc nhiều đáp ứng y học hoặc sinh học mong muốn, ví dụ làm giảm lượng glucoza, insulin, triglyxerit, hoặc lượng cholesterol trong máu; làm giảm thể trọng; hoặc cải thiện khả năng dung nạp glucoza, mức tiêu thụ năng lượng, hoặc độ nhạy insulin.

Thuật ngữ "polynucleotit" hoặc "axit nucleic" bao gồm cả polyme nucleotit mạch đơn hoặc mạch kép. Nucleotit bao gồm polynucleotit có thể là ribonucleotit hoặc deoxyribonucleotit hoặc dạng được cải biến của một trong hai loại nucleotit. Các cải biến bao gồm các cải biến bazơ như các dẫn xuất bromouridin và inosin, các cải biến riboza như 2',3'-dideoxyriboza, và các cải biến liên kết liên nucleotit như phosphorothioat, phosphorodithioat, phosphoroselenoat, phosphorodiselenoat, phosphoroanilothioat, phoshoraniladat và phosphoroamidat.

Thuật ngữ "oligonucleotit" có nghĩa là polynucleotit gồm 200 nucleotit hoặc ít hơn. Theo một vài phương án, oligonucleotit có chiều dài gồm 10 đến 60 bazơ. Theo các phương án khác, oligonucleotit có chiều dài gồm 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, hoặc 20 đến 40 nucleotit. Oligonucleotit có thể là mạch đơn hoặc mạch kép, ví dụ, được dùng để tạo ra gen đột biến. Oligonucleotit có thể là oligonucleotit có nghĩa hoặc đối nghĩa. Một oligonucleotit có thể bao gồm một phân tử đánh dấu, kể cả phân tử đánh dấu phóng xạ,

phân tử đánh dấu huỳnh quang, hapten hoặc phân tử đánh dấu kháng nguyên, để dùng trong các thử nghiệm phát hiện. Oligonucleotit có thể được sử dụng làm các đoạn mồi PCR, các đoạn mồi tách dòng hoặc các mẫu dò lai chẳng hạn.

"Phân tử axit nucleic phân lập" có nghĩa là một ADN hoặc ARN của bộ gen, mARN, cADN, hoặc có nguồn gốc tổng hợp hoặc tổ hợp nào đó của chúng mà không có liên quan đến toàn bộ hoặc một phần của polynucleotit trong đó polynucleotit phân lập được tìm thấy trong tự nhiên, hoặc có liên quan đến một polynucleotit mà nó không có liên quan trong tự nhiên. Đối với các mục đích của sáng chế, cần hiểu rằng "phân tử axit nucleic bao gồm" một trình tự nucleotit cụ thể không bao gồm các nhiễm sắc thể nguyên vẹn. Phân tử axit nucleic phân lập "chứa" các trình tự axit nucleic cụ thể có thể bao gồm, ngoài các trình tự cụ thể này, các trình tự mã hóa để mã hóa tối đa mười hoặc tối đa hai mươi protein khác hoặc các đoạn của chúng, hoặc có thể bao gồm các trình tự điều hòa được liên kết động để kiểm soát sự biểu hiện của vùng mã hóa của các trình tự axit nucleic được đề cập, và/hoặc có thể bao gồm các trình tự vectơ.

Trừ khi được quy định theo cách khác, đầu phía bên tay trái của trình tự polynucleotit mạch đơn bất kỳ được đề cập ở đây là đầu 5'; hướng bên tay trái của các trình tự polynucleotit mạch kép được dùng để chỉ là hướng 5'. Hướng bổ sung 5' đến 3' của các bản sao ARN mới sinh được dùng để chỉ là hướng phiên mã; các vùng trình tự trên mạch ADN có các trình tự giống bản sao ARN mà là đầu 5' đến đầu 5' của bản sao ARN được dùng để chỉ "các trình tự ngược dòng;" các vùng trình tự trên mạch ADN có trình tự giống bản sao ARN mà là đầu 3' đến đầu 3' của bản sao ARN được dùng để chỉ là "các trình tự xuôi dòng."

Thuật ngữ "trình tự đối chứng" được dùng để chỉ trình tự polynucleotit có thể tác động đến sự biểu hiện và xử lý của các trình tự mã hóa mà nó được liên kết. Bản chất của các trình tự đối chứng này có thể tùy thuộc vào sinh vật chủ. Theo các phương án cụ thể, các trình tự đối chứng đối với sinh vật chưa có nhân thực có thể bao gồm trình tự khởi đầu, vị trí gắn kết ribosom, và trình tự kết thúc phiên mã. Ví dụ, các trình tự đối chứng đối với các tế bào có nhân thực có thể bao gồm các trình tự khởi đầu chứa một hoặc nhiều vị trí nhận biết các yếu tố phiên mã, các trình tự tăng cường phiên mã, và các trình tự kết thúc phiên mã. "Các trình tự đối chứng" có thể bao gồm các trình tự dẫn và/hoặc các trình tự đối tác dung hợp.

Thuật ngữ "vectơ" có nghĩa là phân tử hoặc thực thể bất kỳ (ví dụ, axit nucleic, plasmit, thể thực khuẩn hoặc virut) được sử dụng để truyền thông tin mã hóa protein vào tế bào chủ.

Thuật ngữ "vectơ biểu hiện" hoặc "cấu trúc biểu hiện" được dùng để chỉ vectơ thích hợp cho quá trình biến nạp của tế bào chủ và chứa các trình tự axit nucleic mà điều khiển và/hoặc kiểm soát (có liên quan đến tế bào chủ) sự biểu hiện của một hoặc nhiều vùng mã hóa khác nguồn gốc được liên kết động với nó. Cấu trúc biểu hiện có thể bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các trình tự mà tác động đến hoặc kiểm soát quá trình phiên mã, dịch mã, và, ngoài ra nếu có mặt các intron, tác động đến quá trình cắt nối ARN của vùng mã hóa được liên kết động với nó.

Như được sử dụng ở đây, "được liên kết động" có nghĩa là các thành phần mà thuật ngữ này đề cập có mối quan hệ để cho phép chúng thực hiện các chức năng vốn có của chúng trong các điều kiện thích hợp. Ví dụ, một trình tự kiểm soát trong vectơ mà "được liên kết động" với trình tự mã hóa protein được liên kết trong đó sao cho đạt được sự biểu hiện của trình tự mã hóa protein trong các điều kiện tương thích với hoạt tính phiên mã của các trình tự kiểm soát.

Thuật ngữ "tế bào chủ" có nghĩa là tế bào đã được biến nạp trình tự axit nucleic và nhờ đó biểu hiện gen quan tâm. Thuật ngữ này bao gồm cả thế hệ con của tế bào bố mẹ, cho dù thế hệ con này có giống về mặt hình thái hoặc về cấu trúc di truyền với tế bào bố mẹ ban đầu hay không, miễn là gen quan tâm có mặt.

Các thuật ngữ "polypeptit" hoặc "protein" được sử dụng thay thế cho nhau ở đây để chỉ một polyme gồm các gốc axit amin. Các thuật ngữ này cũng áp dụng cho các polyme axit amin trong đó một hoặc nhiều gốc axit amin là tương tự hoặc bắt chước axit amin tương ứng có nguồn gốc trong tự nhiên, cũng như là áp dụng cho các polyme axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên. Các thuật ngữ này cũng có thể bao gồm các polyme axit amin đã được cải biến, ví dụ, bằng cách bổ sung các gốc carbohydrat để tạo thành glycoprotein, hoặc được phosphoryl hóa. Polypeptit và protein có thể được tổng hợp bởi tế bào không tái tổ hợp và có nguồn gốc trong tự nhiên; hoặc được tổng hợp bởi tế bào tái tổ hợp hoặc được thao tác di truyền, và bao gồm các phân tử có trình tự axit amin của protein nguyên thể, hoặc các phân tử đã được loại bỏ, thêm và/hoặc thay thế một hoặc nhiều axit amin của trình tự nguyên thể. Các thuật ngữ "polypeptit" và "protein" đặc biệt bao gồm các protein gắn kết kháng nguyên GIPR, kháng thể, hoặc các trình tự đã loại bỏ,

thêm hoặc thay thế một hoặc nhiều axit amin của protein gắn kết kháng nguyên. Thuật ngữ "đoạn polypeptit" được dùng để chỉ polypeptit có đầu amino bị mất, đầu carboxyl bị mất, và/hoặc đoạn bên trong bị mất so với protein có chiều dài đầy đủ. Các đoạn như vậy cũng có thể có các axit amin cải biến so với protein có chiều dài đầy đủ. Theo các phương án nhất định, các đoạn này có chiều dài nằm trong khoảng từ năm đến 500 axit amin. Ví dụ, các đoạn có chiều dài gồm ít nhất 5, 6, 8, 10, 14, 20, 50, 70, 100, 110, 150, 200, 250, 300, 350, 400, hoặc 450 axit amin. Các đoạn polypeptit hữu dụng bao gồm các đoạn có chức năng miễn dịch của kháng thể, kể cả các vùng gấp gắn kết.

Thuật ngữ "protein phân lập" có nghĩa là một protein (1) không chứa ít nhất một vài protein khác mà protein phân lập thường được tìm thấy, (2) hầu như không chứa các protein khác từ cùng một nguồn, ví dụ, từ cùng một loài, (3) được biểu hiện bởi tế bào thu được từ một loài khác, (4) được tách ra từ ít nhất khoảng 50% polynucleotit, lipit, carbohydrat, hoặc các nguyên liệu mà đi kèm với nó trong tự nhiên, (5) được liên kết động (nhờ tương tác cộng hóa trị hoặc không cộng hóa trị) với một polypeptit mà không đi kèm với nó trong tự nhiên, hoặc (6) không xuất hiện trong tự nhiên. Thông thường, một "protein phân lập" chiếm ít nhất khoảng 5%, ít nhất khoảng 10%, ít nhất khoảng 25%, hoặc ít nhất khoảng 50% của mẫu nhất định. AND bộ gen, cADN, mARN hoặc ARN khác, có nguồn gốc tổng hợp, hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng có thể mã hóa protein phân lập này. Tốt hơn là, protein phân lập này hầu như không chứa các protein hoặc polypeptit hoặc các tạp chất khác mà được tìm thấy trong môi trường tự nhiên của protein phân lập này sẽ can thiệp vào việc sử dụng để điều trị, chẩn đoán, phòng ngừa, nghiên cứu hoặc việc sử dụng khác.

"Biến thể" của một polypeptit (ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên như kháng thể) bao gồm một trình tự axit amin, trong đó một hoặc nhiều gốc axit amin được cài vào, được loại bỏ và/hoặc được thay thế trong trình tự axit amin so với trình tự polypeptit đó. Các biến thể bao gồm các protein dung hợp.

"Dẫn xuất" của polypeptit là một polypeptit (ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên như kháng thể) đã được cải biến về mặt hóa học theo cách nào đó khác biệt với các biến thể được thêm, mất hoặc thay thế, ví dụ, bằng cách tiếp hợp với gốc hóa học khác.

Thuật ngữ "có nguồn gốc trong tự nhiên" như được sử dụng trong bản mô tả có liên quan đến các nguyên liệu sinh học như polypeptit, các axit nucleic, tế bào chủ, và nguyên liệu khác, được dùng để chỉ các nguyên liệu được tìm thấy trong tự nhiên.

"Đối tượng" hoặc "bệnh nhân" như được sử dụng ở đây có thể là động vật có vú bất kỳ. Theo một phương án điển hình, đối tượng hoặc bệnh nhân này là người.

Như được mô tả ở đây, polypeptit GIPR được mô tả bởi sáng chế có thể được thao tác di truyền và/hoặc được tổng hợp bằng phương pháp sinh học phân tử chuẩn. Theo các ví dụ khác, trình tự axit nucleic mã hóa GIPR, có thể chứa toàn bộ hoặc một phần của SEQ ID NO: 1, 3 hoặc 5, có thể được phân lập và/hoặc được khuếch đại từ ADN bộ gen, hoặc cADN nhờ các đoạn mồi oligonucleotit thích hợp. Các đoạn mồi có thể được thiết kế dựa trên các trình tự axit nucleic và axit amin được đề cập ở đây theo các kỹ thuật khuếch đại (RT)-PCR chuẩn. Axit nucleic GIPR đã khuếch đại sau đó có thể được tách dòng trong vectơ thích hợp và được xác định bằng phân tích trình tự ADN.

Oligonucleotit dùng làm mẫu dò để phân lập hoặc khuếch đại toàn bộ hoặc một phần của các trình tự GIPR được đề cập ở đây có thể được thiết kế và được tạo ra bằng các kỹ thuật tổng hợp chuẩn, ví dụ, thiết bị tổng hợp ADN tự động, hoặc có thể được phân lập từ một trình tự ADN dài hơn.

Trình tự gồm 466 axit amin của GIPR của người là (Volz et al., FEBS Lett. 373:23-29 (1995); Trình tự đối chứng NCBI: NP_0001555):

MTTSPILQLL LRLSLCGLLL QRAETGSKGQ TAGELYQRWE RYRRECQETL AAAEPPSGLA CNGSFDMYVC WDYAAPNATA RASCPWYLPW HHHVAAGFVL RQCGSDGQWG LWRDHTQCEN PEKNEAFLDQ RLILERLQVM YTVGYSLSLA TLLLALLILS LFRRLHCTRN YIHINLFTSF MLRAAAILSR DRLLPRPGPY LGDQALALWN QALAACRTAQ IVTQYCVGAN YTWLLVEGVY LHSLLVLVGG SEEGHFRYYL LLGWGAPALF VIPWVIVRYL YENTQCWERN EVKAIWWIIR TPILMTILIN FLIFIRILGI LLSKLRTRQM RCRDYRLRLA RSTLTLVPLL GVHEVVFAPV TEEQARGALR FAKLGFEIFL SSFQGFLVSV LYCFINKEVQ SEIRRGWHHC RLRRSLGEEQ RQLPERAFRA LPSGSGPGEV PTSRGLSSGT LPGPGNEASR ELESYC (SEQ ID NO: 3141)

và được mã hóa bởi trình tự ADN (Trình tự đối chứng NCBI: NM_000164):

ggcagcggtg gcaggggctg caggagcaag tgaccaggag caggactggg gacaggcctg atcgcccctg cacgaaccag acccttcgcc gccctcacga tgactacctc tccgatcctg cagctgctgc tgcggctctc actgtgcggg ctgctgctcc agagggcgga gacaggctct aaggggcaga cggcggggga gctgtaccag cgctgggaac ggtaccgcag ggagtgccag gagaccttgg cagccgcgga accgccttca ggcctcgcct gtaacgggtc cttcgatatg tacgtctgct gggactatgc tgcacccaat gccactgccc gtgcgtcctg cccctggtac ctgccctggc

accaccatgt ggctgcaggt ttcgtcctcc gccagtgtgg cagtgatggc caatggggac tttggagaga ccatacacaa tgtgagaacc cagagaagaa tgaggccttt ctggaccaaa ggctcatctt ggagcggttg caggtcatgt acactgtcgg ctactccctg tctctcgcca cactgctgct agccctgctc atcttgagtt tgttcaggcg gctacattgc actagaaact atatccacat caacctgttc acgtctttca tgctgcgagc tgcggccatt ctcagccgag accgtctgct acctcgacct ggcccctacc ttggggacca ggcccttgcg ctgtggaacc aggccctcgc tgcctgccgc acggcccaga tcgtgaccca gtactgcgtg ggtgccaact acacgtggct gctggtggag ggcgtctacc tgcacagtct cctggtgctc gtgggaggct ccgaggaggg ccacttccgc tactacctgc tcctcggctg gggggccccc gcgcttttcg tcattccctg ggtgatcgtc aggtacctgt acgagaacac gcagtgctgg gagcgcaacg aagtcaaggc catttggtgg attatacgga cccccatcct catgaccatc ttgattaatt tcctcatttt tatccgcatt cttggcattc tcctgtccaa gctgaggaca cggcaaatgc gctgccggga ttaccggctg aggctggctc gctccacgct gacgctggtg cccctgctgg gtgtccacga ggtggtgttt gctcccgtga cagaggaaca ggcccggggc gccctgcgct tcgccaagct cggctttgag atcttcctca gctccttcca gggcttcctg gtcagcgtcc tctactgctt catcaacaag gaggtgcagt cggagatccg ccgtggctgg caccactgcc gcctgcgccg cagcctgggc gaggagcaac gccagctccc ggagcgcgcc ttccgggccc tgccctccgg ctccggcccg ggcgaggtcc ccaccagccg cggcttgtcc tcggggaccc tcccagggcc tgggaatgag gccagccggg agttggaaag ttactgctag ggggcgggat ccccgtgtct gttcagttag catggattta ttgagtgcca actgcgtgcc aggcccagta cggaggacgc tggggaaatg gtgaaggaaa cagaaaaaag gtccctgccc ttctggagat gacaactgag tggggaaaac agaccgtgaa cacaaaacat caagttccac acacgctatg gaatggttat gaagggaagc gagaaggggg cctagggtgg tctgggaggc gtctccaagg aggtgacact taagccatcc ccgaaagagg tgaaagagat cactttgggg agagctggag aacaggattc taggcggaag cgatagcata ggcaaaggcc cttgggcagg aaggcgctca gccttggctg gagtagaatt aagtcagagc caacaggtgg ggagagacag agaagtgggc aggggcaccc aagttgggat ttcatttcag gtgcattgga gattcttagg agtgtctctt gggggtaata ttttatttt taaaaaatga ggat (SEQ ID NO: 3142).

Phân tử đồng dạng gồm 430 axit amin của GIPR của người (phân tử đồng dạng X1), được dự đoán nhờ phân tích tự động bằng máy tính, có trình tự (trình tự đối chứng NCBI XP_005258790):

MTTSPILQLL LRLSLCGLLL QRAETGSKGQ TAGELYQRWE RYRRECQETL AAAEPPSVAA GFVLRQCGSD GQWGLWRDHT QCENPEKNEA FLDQRLILER LQVMYTVGYS LSLATLLLAL LILSLFRRLH CTRNYIHINL FTSFMLRAAA ILSRDRLLPR PGPYLGDQAL ALWNQALAAC RTAQIVTQYC VGANYTWLLV EGVYLHSLLV LVGGSEEGHF RYYLLLGWGA PALFVIPWVI VRYLYENTQC WERNEVKAIW WIIRTPILMT ILINFLIFIR ILGILLSKLR TRQMRCRDYR

LRLARSTLTL VPLLGVHEVV FAPVTEEQAR GALRFAKLGF EIFLSSFQGF LVSVLYCFIN KEVQSEIRRG WHHCRLRRSL GEEQRQLPER AFRALPSGSG PGEVPTSRGL SSGTLPGPGN EASRELESYC (SEQ ID NO: 3143)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

atgaccacca gcccgattct gcagctgctg ctgcgcctga gcctgtgcgg cctgctgctg cagcgcgcgg aaaccggcag caaaggccag accgcgggcg aactgtatca gcgctgggaa cgctatcgcc gcgaatgcca ggaaaccctg gcggcggcgg aaccgccgag cgtggcggcg ggctttgtgc tgcgccagtg cggcagcgat ggccagtggg gcctgtggcg cgatcatacc cagtgcgaaa acccggaaaa aaacgaagcg tttctggatc agcgcctgat tctggaacgc ctgcaggtga tgtataccgt gggctatagc ctgagcctgg cgaccctgct gctggcgctg ctgattctga gcctgtttcg ccgcctgcat tgcacccgca actatattca tattaacctg tttaccagct ttatgctgcg cgcggcggcg attctgagcc gcgatcgcct gctgccgcgc ccgggcccgt atctgggcga tcaggcgctg gcgctgtgga accaggcgct ggcggcgtgc cgcaccgcgc agattgtgac ccagtattgc gtgggcgcga actatacctg gctgctggtg gaaggcgtgt atctgcatag cctgctggtg ctggtgggcg gcagcgaaga aggccatttt cgctattatc tgctgctggg ctggggcgcg ccggcgctgt ttgtgattcc gtgggtgatt gtgcgctatc tgtatgaaaa cacccagtgc tgggaacgca acgaagtgaa agcgatttgg tggattattc gcaccccgat tctgatgacc attctgatta actttctgat ttttattcgc attctgggca ttctgctgag caaactgcgc acccgccaga tgcgctgccg cgattatcgc ctgcgcctgg cgcgcagcac cctgaccctg gtgccgctgc tgggcgtgca tgaagtggtg tttgcgccgg tgaccgaaga acaggcgcgc ggcgcgctgc gctttgcgaa actgggcttt gaaatttttc tgagcagctt tcagggcttt ctggtgagcg tgctgtattg ctttattaac aaagaagtgc agagcgaaat tcgccgcggc tggcatcatt gccgcctgcg ccgcagcctg ggcgaagaac agcgccagct gccggaacgc gcgtttcgcg cgctgccgag cggcagcggc ccgggcgaag tgccgaccag ccgcggcctg agcagcggca ccctgccggg cccgggcaac gaagcgagcc gcgaactgga aagctattgc (SEQ ID NO: 3144).

Phân tử đồng dạng gồm 493 axit amin của GIPR của người, được tổng hợp bằng quá trình cắt nối lựa chọn, có trình tự (Gremlich et al., Diabetes 44:1202-8 (1995); Mã nhận dạng trình tự UniProtKB: P48546-2):

MTTSPILQLL LRLSLCGLLL QRAETGSKGQ TAGELYQRWE RYRRECQETL AAAEPPSGLA CNGSFDMYVC WDYAAPNATA RASCPWYLPW HHHVAAGFVL RQCGSDGQWG LWRDHTQCEN PEKNEAFLDQ RLILERLQVM YTVGYSLSLA TLLLALLILS LFRRLHCTRN YIHINLFTSF MLRAAAILSR DRLLPRPGPY LGDQALALWN QALAACRTAQ IVTQYCVGAN YTWLLVEGVY LHSLLVLVGG SEEGHFRYYL LLGWGAPALF VIPWVIVRYL YENTQCWERN EVKAIWWIIR TPILMTILIN FLIFIRILGI LLSKLRTRQM RCRDYRLRLA RSTLTLVPLL

GVHEVVFAPV TEEQARGALR FAKLGFEIFL SSFQGFLVSV LYCFINKEVG RDPAAAPALW RRRGTAPPLS AIVSQVQSEI RRGWHHCRLR RSLGEEQRQL PERAFRALPS GSGPGEVPTS RGLSSGTLPG PGNEASRELE SYC (SEQ ID NO: 3145)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

atgaccacca gcccgattct gcagctgctg ctgcgcctga gcctgtgcgg cctgctgctg cagcgcgcgg aaaccggcag caaaggccag accgcgggcg aactgtatca gcgctgggaa cgctatcgcc gcgaatgcca ggaaaccctg gcggcggcgg aaccgccgag cggcctggcg tgcaacggca gctttgatat gtatgtgtgc tgggattatg cggcgccgaa cgcgaccgcg cgcgcgagct gcccgtggta tctgccgtgg catcatcatg tggcggcggg ctttgtgctg cgccagtgcg gcagcgatgg ccagtggggc ctgtggcgcg atcataccca gtgcgaaaac ccggaaaaaa acgaagcgtt tctggatcag cgcctgattc tggaacgcct gcaggtgatg tataccgtgg gctatagcct gagcctggcg accctgctgc tggcgctgct gattctgagc ctgtttcgcc gcctgcattg cacccgcaac tatattcata ttaacctgtt taccagcttt atgctgcgcg cggcggcgat tctgagccgc gatcgcctgc tgccgcgccc gggcccgtat ctgggcgatc aggcgctggc gctgtggaac caggcgctgg cggcgtgccg caccgcgcag attgtgaccc agtattgcgt gggcgcgaac tatacctggc tgctggtgga aggcgtgtat ctgcatagcc tgctggtgct ggtgggcggc agcgaagaag gccattttcg ctattatctg ctgctgggct ggggcgcgcc ggcgctgttt gtgattccgt gggtgattgt gcgctatctg tatgaaaaca cccagtgctg ggaacgcaac gaagtgaaag cgatttggtg gattattcgc accccgattc tgatgaccat tctgattaac tttctgattt ttattcgcat tctgggcatt ctgctgagca aactgcgcac ccgccagatg cgctgccgcg attatcgcct gcgcctggcg cgcagcaccc tgaccctggt gccgctgctg ggcgtgcatg aagtggtgtt tgcgccggtg accgaagaac aggcgcgcgg cgcgctgcgc tttgcgaaac tgggctttga aatttttctg agcagctttc agggctttct ggtgagcgtg ctgtattgct ttattaacaa agaagtgggc cgcgatccgg cggcggcgcc ggcgctgtgg cgccgccgcg gcaccgcgcc gccgctgagc gcgattgtga gccaggtgca gagcgaaatt cgccgcggct ggcatcattg ccgcctgcgc cgcagcctgg gcgaagaaca gcgccagctg ccggaacgcg cgtttcgcgc gctgccgagc ggcagcggcc cgggcgaagt gccgaccagc cgcggcctga gcagcggcac cctgccgggc ccgggcaacg aagcgagccg cgaactggaa agctattgct aa (SEQ ID NO: 3146)

Trình tự gồm 460 axit amin của GIPR của chuột là (trình tự đối chứng NCBI: NP_001074284; uniprotKB/Swiss-Prot Q0P543-1); xem tài liệu Vassilatis et al., PNAS USA 2003, 100:4903-4908.

MPLRLLLLLL WLWGLQWAET DSEGQTTTGE LYQRWEHYGQ ECQKMLETTE PPSGLACNGS FDMYACWNYT AANTTARVSC PWYLPWFRQV SAGFVFRQCG SDGQWGSWRD HTQCENPEKN GAFQDQTLIL ERLQIMYTVG YSLSLTTLLL

ALLILSLFRR LHCTRNYIHM NLFTSFMLRA AAILTRDQLL PPLGPYTGDQ APTPWNQALA ACRTAQIMTQ YCVGANYTWL LVEGVYLHHL LVIVGRSEKG HFRCYLLLGW GAPALFVIPW VIVRYLRENT QCWERNEVKA IWWIIRTPIL ITILINFLIF IRILGILVSK LRTRQMRCPD YRLRLARSTL TLVPLLGVHE VVFAPVTEEQ VEGSLRFAKL AFEIFLSSFQ GFLVSVLYCFINKEVQSEIRQ GWRHRRLRLS LQEQRPRPHQ ELAPRAVPLS SACREAAVGN ALPSGMLHVP GDEVLESYC (SEQ ID NO: 3147)

và được mã hóa bởi trình tự ADN (Trình tự đối chứng NCBI: NM_001080815):

atgccgctgc gcctgctgct gctgctgctg tggctgtggg gcctgcagtg ggcggaaacc gatagcgaag gccagaccac caccggcgaa ctgtatcagc gctgggaaca ttatggccag gaatgccaga aaatgctgga aaccaccgaa ccgccgagcg gcctggcgtg caacggcagc tttgatatgt atgcgtgctg gaactatacc gcggcgaaca ccaccgcgcg cgtgagctgc ccgtggtatc tgccgtggtt tcgccaggtg agcgcgggct ttgtgtttcg ccagtgcggc agcgatggcc agtggggcag ctggcgcgat catacccagt gcgaaaaccc ggaaaaaaac ggcgcgtttc aggatcagac cctgattctg gaacgcctgc agattatgta taccgtgggc tatagcctga gcctgaccac cctgctgctg gcgctgctga ttctgagcct gtttcgccgc ctgcattgca cccgcaacta tattcatatg aacctgttta ccagctttat gctgcgcgcg gcggcgattc tgacccgcga tcagctgctg ccgccgctgg gcccgtatac cggcgatcag gcgccgaccc cgtggaacca ggcgctggcg gcgtgccgca ccgcgcagat tatgacccag tattgcgtgg gcgcgaacta tacctggctg ctggtggaag gcgtgtatct gcatcatctg ctggtgattg tgggccgcag cgaaaaaggc cattttcgct gctatctgct gctgggctgg ggcgcgccgg cgctgtttgt gattccgtgg gtgattgtgc gctatctgcg cgaaaacacc cagtgctggg aacgcaacga agtgaaagcg atttggtgga ttattcgcac cccgattctg attaccattc tgattaactt tctgattttt attcgcattc tgggcattct ggtgagcaaa ctgcgcaccc gccagatgcg ctgcccggat tatcgcctgc gcctggcgcg cagcaccctg accctggtgc cgctgctggg cgtgcatgaa gtggtgtttg cgccggtgac cgaagaacag gtggaaggca gcctgcgctt tgcgaaactg gcgtttgaaa ttttctgag cagctttcag ggctttctgg tgagcgtgct gtattgcttt attaacaaag aagtgcagag cgaaattcgc cagggctggc gccatcgccg cctgcgcctg agcctgcagg aacagcgccc gcgcccgcat caggaactgg cgccgcgcgc ggtgccgctg agcagcgcgt gccgcgaagc ggcggtgggc aacgcgctgc cgagcggcat gctgcatgtg ccgggcgatg aagtgctgga aagctattgc taa (SEQ ID NO: 3148)

Phân tử đồng dạng gồm 230 axit amin của GIPR của chuột, được tổng hợp bằng quá trình cắt nối lựa chọn, có trình tự (Gerhard et al., Genome Res, 14:2121-2127 (2004); trình tự đối chứng NCBI: AAI20674):

MPLRLLLLLL WLWGLQWAET DSEGQTTTGE LYQRWEHYGQ ECQKMLETTE PPSGLACNGS FDMYACWNYT AANTTARVSC PWYLPWFRQV SAGFVFRQCG

SDGQWGSWRD HTQCENPEKN GAFQDQTLIL ERLQIMYTVG YSLSLTTLLL ALLILSLFRR LHCTRNYIHM NLFTSFMLRA AAILTRDQLL PPLGPYTGDQ APTPWNQVLH RLLPGGTKTF PIYFRTFPHH (SEQ ID NO: 3149)

và được mã hóa bởi trình tự ADN:

atgccgctgc gcctgctgct gctgctgctg tggctgtggg gcctgcagtg ggcggaaacc gatagcgaag gccagaccac caccggcgaa ctgtatcagc gctgggaaca ttatggccag gaatgccaga aaatgctgga aaccaccgaa ccgccgagcg gcctggcgtg caacggcagc tttgatatgt atgcgtgctg gaactatacc gcggcgaaca ccaccgcgcg cgtgagctgc ccgtggtatc tgccgtggtt tcgccaggtg agcgcgggct ttgtgtttcg ccagtgcggc agcgatggcc agtggggcag ctggcgcgat catacccagt gcgaaaaccc ggaaaaaaac ggcgcgtttc aggatcagac cctgattctg gaacgcctgc agattatgta taccgtgggc tatagcctga gcctgaccac cctgctgctg gcgctgctga ttctgagcct gtttcgccgc ctgcattgca cccgcaacta tattcatatg aacctgttta ccagctttat gctgcgcgcg gcggcgattc tgacccgcga tcagctgctg ccgccgctgg gcccgtatac cggcgatcag gcgccgaccc cgtggaacca ggtgctgcat cgcctgctgc cgggcggcac caaaaccttt ccgatttatt ttcgcacctt tccgcatcat taa (SEQ ID NO: 3150).

Như được mô tả ở đây, thuật ngữ "polypeptit GIPR" bao gồm trình tự polypeptit GIPR có nguồn gốc trong tự nhiên, ví dụ, các trình tự axit amin của người SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145. Tuy nhiên, thuật ngữ "polypeptit GIPR," cũng bao gồm các polypeptit có trình tự axit amin khác trình tự axit amin của trình tự polypeptit GIPR có nguồn gốc trong tự nhiên, ví dụ, SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145, bởi một hoặc nhiều axit amin, vì thế trình tự này đồng nhất với SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145 ít nhất 85%. Các polypeptit GIPR có thể được tạo ra bằng cách tiến hành một hoặc nhiều thay thế axit amin, bảo toàn hoặc không bảo toàn và sử dụng axit amin có nguồn gốc tự nhiên hoặc không có nguồn gốc trong tự nhiên, ở các vị trí cụ thể của polypeptit GIPR.

"Thay thế axit amin bảo toàn" có thể bao gồm thay thế gốc axit amin nguyên thể (tức là, gốc được tìm thấy ở vị trí nhất định của trình tự polypeptit GIPR kiểu dại) bằng gốc không nguyên thể (tức là, gốc mà không được tìm thấy ở một vị trí nhất định của trình tự polypeptit GIPR kiểu dại) sao cho chỉ tác động ít hoặc không tác động đến độ phân cực hoặc điện tích của gốc axit amin ở vị trí đó. Các thay thế axit amin bảo toàn cũng bao gồm các gốc axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên mà thường được kết hợp bằng cách tổng hợp peptit bằng phương pháp hóa học hơn là tổng hợp trong các hệ sinh học. Các thay thế axit amin bảo toàn này bao gồm các phân tử bắt chước peptit, và các dạng được biến đổi hoặc nghịch chuyển của các gốc axit amin.

Các gốc có nguồn gốc trong tự nhiên có thể được chia thành các nhóm dựa vào các đặc tính mạch bên chung:

(1) kỵ nước: norleuxin, Met, Ala, Val, Leu, Ile;

(2) ưa nước trung tính: Cys, Ser, Thr;

(3) axit: Asp, Glu;

(4) bazơ: Asn, Gln, His, Lys, Arg;

(5) các gốc làm ảnh hưởng đến hướng chuỗi: Gly, Pro; và

(6) thơm: Trp, Tyr, Phe.

Các nhóm axit amin khác cũng có thể được tạo ra dựa trên các nguyên tắc được mô tả trong tài liệu, ví dụ, Creighton (1984) PROTEINS: STRUCTURE and MOLECULAR PROPERTIES (2d Ed. 1993), W.H. Freeman and Company. Trong một vài trường hợp có thể hữu dụng khi xác định thêm các thay thế dựa vào hai hoặc nhiều đặc điểm như vậy (ví dụ, thay thế bằng gốc "phân cực kém", như gốc Thr, có thể là thay thế bảo toàn lớn trong trường hợp thích hợp).

Các thay thế bảo toàn có thể bao gồm trao đổi một thành viên của một trong số các nhóm này cho một thành viên khác thuộc cùng nhóm. Thay thế không bảo toàn có thể bao gồm trao đổi một thành viên của một trong số các nhóm này cho một thành viên thuộc một nhóm khác.

Gốc axit amin tổng hợp, hiếm, hoặc đã cải biến có các đặc tính lý hóa tương tự đã biết so với các gốc của nhóm được mô tả trên đây có thể được sử dụng làm gốc thay thế "bảo toàn" cho gốc axit amin cụ thể trong một trình tự. Ví dụ, gốc D-Arg có thể dùng làm gốc thay thế cho gốc L-Arg điển hình. Cũng có thể là trường hợp mà một thay thế cụ thể có thể được mô tả cho hai hoặc nhiều nhóm được mô tả trên đây (ví dụ, thay thế bằng một gốc nhỏ và kỵ nước có nghĩa là thay thế một axit amin bằng (các) gốc được tìm thấy ở cả hai nhóm được mô tả ở trên hoặc các gốc tổng hợp, hiếm hoặc đã được cải biến khác mà đã biết trong lĩnh vực này là có các đặc tính lý hóa tương tự với các gốc đáp ứng cả hai định nghĩa).

Các trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit GIPR đề cập ở đây, bao gồm các trình tự thoái biến thành SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145, và các trình tự mã hóa các biến thể polypeptit có trình tự nêu trong SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145 tạo nên các khía cạnh khác của sáng chế.

Để biểu hiện các trình tự axit nucleic của GIPR được đề cập ở đây, các trình tự mã hóa thích hợp, ví dụ, SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145, có thể được tách dòng trong vectơ thích hợp và sau đó đưa vào tế bào chủ thích hợp, trình tự này có thể được biểu hiện để tạo ra polypeptit được mã hóa theo các kỹ thuật tách dòng và biểu hiện chuẩn, mà đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này (ví dụ, như được mô tả trong tài liệu Sambrook, J., Fritsh, E. F., và Maniatis, T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989). Sáng chế cũng đề cập đến các vectơ chứa trình tự axit nucleic theo sáng chế như vậy.

"Vectơ" được dùng để chỉ vật truyền phân phối mà (a) thúc đẩy sự biểu hiện của trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit; (b) thúc đẩy sự tổng hợp polypeptit từ đó; (c) thúc đẩy sự chuyển nhiễm/biến nạp các tế bào đích; (d) thúc đẩy quá trình tái bản của trình tự axit nucleic; (e) thúc đẩy độ ổn định của axit nucleic; (f) thúc đẩy sự phát hiện axit nucleic và/hoặc tế bào được biến nạp/chuyển nhiễm; và/hoặc (g) mặt khác tạo chức năng sinh học và/hoặc lý hóa có lợi cho axit nucleic mã hóa polypeptit. Vectơ có thể là vectơ thích hợp bất kỳ, bao gồm các vectơ axit nucleic có nguồn gốc nhiễm sắc thể, không có nguồn gốc nhiễm sắc thể, và tổng hợp (một trình tự axit nucleic bao gồm một tập hợp các yếu tố kiểm soát sự biểu hiện thích hợp). Ví dụ về các vectơ như vậy bao gồm các dẫn xuất của các vectơ SV40, plasmit vi khuẩn, ADN thể thực khuẩn, baculovirut, plasmit nấm men, vectơ thu được từ các tổ hợp của plasmit và ADN thể thực khuẩn, và axit nucleic virut (ARN hoặc ADN).

Vectơ biểu hiện tái tổ hợp có thể được thiết kế để biểu hiện protein GIPR trong các tế bào chưa có nhân thực (ví dụ, E. coli) hoặc tế bào có nhân thực (ví dụ, các tế bào côn trùng, nhờ các vectơ biểu hiện baculovirut, tế bào nấm men, hoặc tế bào của động vật có vú). Theo một phương án, tế bào chủ là tế bào chủ của động vật có vú, không phải người. Các tế bào chủ tiêu biểu bao gồm các tế bào chủ thường được sử dụng để tách dòng và biểu hiện, bao gồm các chủng Escherichia coli TOP10F', TOP10, DH10B, DH5a, HB101, W3110, BL21(DE3) và BL21 (DE3)pLysS, BLUESCRIPT (Stratagene), các dòng tế bào của động vật có vú CHO, CHO-K1, HEK293, các vectơ 293-EBNA pIN (Van Heeke & Schuster, J. Biol. Chem. 264: 5503-5509 (1989); các vectơ pET (Novagen, Madison Wis.). Theo cách khác, vectơ biểu hiện tái tổ hợp có thể được phiên mã và được dịch mã in vitro, ví dụ bằng cách sử dụng các trình tự điều hòa trình tự khởi

đầu T7 và T7 polymeraza và hệ dịch mã in vitro. Tốt hơn là, vectơ này chứa trình tự ngược dòng của trình tự khởi đầu của vị trí tách dòng chứa trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit. Các ví dụ về trình tự khởi đầu, mà có thể được kích hoạt hoặc bất hoạt, bao gồm trình tự khởi đầu lac, trình tự khởi đầu T7, trình tự khởi đầu trc, trình tự khởi đầu tac và trình tự khởi đầu trp.

Do đó, sáng chế đề cập đến các vectơ chứa trình tự axit nucleic mã hóa GIPR để tạo điều kiện thuận lợi cho sự biểu hiện của GIPR tái tổ hợp. Theo các phương án khác, các vectơ chứa trình tự nucleotit được liên kết động mà điều hòa sự biểu hiện của GIPR. Vectơ có thể chứa hoặc bao gồm trình tự khởi đầu, trình tự tăng cường, và các yếu tố tạo điều kiện thuận lợi cho sự biểu hiện khác thích hợp bất kỳ. Ví dụ về các yếu tố như vậy bao gồm các trình tự khởi đầu biểu hiện mạnh (ví dụ, trình tự khởi đầu/trình tự tăng cường IE CMV của người, trình tự khởi đầu RSV, trình tự khởi đầu SV40, trình tự khởi đầu SL3-3, trình tự khởi đầu MMTV, hoặc trình tự khởi đầu LTR HIV, trình tự khởi đầu EF1alpha, trình tự khởi đầu CAG), các trình tự kết thúc poly (A) hữu hiệu, điểm khởi đầu tái bản cho sản phẩm plasmit ở E.coli, gen kháng kháng sinh làm chất chỉ thị chọn lọc, và/hoặc vị trí tách dòng thích hợp (ví dụ, yếu tố đa liên kết). Vectơ cũng có thể chứa trình tự khởi đầu dễ cảm ứng thay vì trình tự khởi đầu cơ bản như IE CMV. Theo một khía cạnh, axit nucleic chứa trình tự mã hóa polypeptit GIPR được liên kết động với trình tự khởi đầu đặc hiệu mô mà thúc đẩy sự biểu hiện của trình tự này trong mô có liên quan đến trao đổi chất, như mô gan hoặc tụy được đề cập.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề cập đến các tế bào chủ chứa các axit nucleic GIPR và các vectơ được mô tả ở đây. Theo các phương án khác, vectơ hoặc axit nucleic được hợp nhất vào bộ gen của tế bào chủ, mà theo các phương án khác vectơ hoặc axit nucleic này là ngoài nhiễm sắc thể.

Các tế bào tái tổ hợp, như nấm men, vi khuẩn (ví dụ, E. coli), và các tế bào của động vật có vú (ví dụ, các tế bào của động vật có vú được làm bất tử) chứa axit nucleic, vectơ, hoặc tổ hợp của một trong hai hoặc cả axit nucleic và vectơ được đề cập. Theo các phương án khác tế bào chứa axit nucleic không được hợp nhất, như plasmit, cosmit, phagemit, hoặc yếu tố biểu hiện tuyến tính, mà bao gồm trình tự mã hóa cho sự biểu hiện của polypeptit GIPR được đề cập.

Vectơ chứa trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit GIPR được đề cập ở đây có thể được đưa vào tế bào chủ bằng cách biến nạp hoặc bằng cách chuyển nhiễm. Các phương pháp biến nạp vectơ biểu hiện vào tế bào là đã biết rõ.

Axit nucleic mã hóa GIPR có thể được định vị trong và/hoặc được phân phối vào tế bào tế bào chủ hoặc động vật chủ thông qua một vectơ virut. Vectơ virut thích hợp bất kỳ có thể được sử dụng trong trường hợp này. Vectơ virut có thể chứa một số polynucleotit virut bất kỳ, một mình hoặc kết hợp với một hoặc nhiều protein virut, để tạo điều kiện thuận lợi cho việc phân phối, tái bản, và/hoặc biểu hiện axit nucleic theo sáng chế trong tế bào chủ mong muốn. Vectơ virut có thể là một polynucleotit chứa toàn bộ hoặc một phần bộ gen virut, thể tiếp hợp protein/axit nucleic virut, hạt giống virut (virut-like particle-VLP), hoặc hạt virut nguyên vẹn chứa các axit nucleic virut và axit nucleic mã hóa polypeptit GIPR. Vectơ virut dạng hạt virut có thể bao gồm hạt virut kiểu dại hoặc hạt virut được cải biến. Vectơ virut này có thể là vectơ mà cần sự có mặt của vectơ khác hoặc virut kiểu dại để tái bản và/hoặc biểu hiện (ví dụ, vectơ virut có thể là virut phụ thuộc yếu tố trợ giúp), như amplicon vectơ adenovirut. Thông thường, các vectơ virut như vậy bao gồm hạt virut kiểu dại, hoặc hạt virut được cải biến lượng protein và/hoặc axit nucleic để làm tăng khả năng chuyển gen hoặc trợ giúp việc chuyển nhiễm và/hoặc biểu hiện axit nucleic (ví dụ về các vectơ này bao gồm các amplicon virut hecpet/AAV). Thông thường, vectơ virut tương tự với và/hoặc thu được từ virut mà thường gây nhiễm cho người. Các hạt vectơ virut thích hợp theo khía cạnh này, bao gồm, ví dụ, các hạt vectơ adenovirut (bao gồm virut bất kỳ thuộc họ hoặc thu được từ virut thuộc họ adenoviridae), các hạt vectơ virut có liên quan đến tuyến (các hạt vectơ AAV) hoặc các hạt vectơ parvovirut và parvovirut khác, các hạt vectơ papillomavirut, vectơ flavivirut, vectơ alphavirut, vectơ virut hecpet, vectơ virut gây bệnh đậu mùa, vectơ retrovirut, kể cả vectơ lentivirut.

Polypeptit GIPR được biểu hiện như được mô tả ở đây có thể được phân lập bằng các phương pháp tinh chế protein chuẩn. Polypeptit GIPR có thể được phân lập từ tế bào trong đó nó được biểu hiện tự nhiên hoặc có thể được phân lập từ tế bào mà đã được thao tác di truyền để biểu hiện GIPR, ví dụ tế bào không biểu hiện GIPR tự nhiên.

Các phương pháp tinh chế protein có thể được sử dụng để phân lập polypeptit GIPR, cũng như là các nguyên liệu và các chất phản ứng có liên quan, là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Các phương pháp tinh chế khác có thể hữu dụng để phân lập

polypeptit GIPR có thể được tìm thấy trong tài liệu tham khảo như Bootcov MR, 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:11514-9, Fairlie WD, 2000, Gene 254: 67-76.

Protein gắn kết kháng nguyên là chất đối kháng mà gắn kết với GIPR, bao gồm GIPR của người (hGIPR) được đề cập ở đây. Theo một phương án, GIPR của người có trình tự như nêu trong SEQ ID NO: 3141. Theo một phương án khác, GIPR của người có trình tự như nêu trong SEQ ID NO: 3143. Theo một phương án khác, GIPR của người có trình tự như nêu trong SEQ ID NO: 3145.

Protein gắn kết kháng nguyên được đề cập là polypeptit mà được gắn và/hoặc được liên kết với một hoặc nhiều vùng quyết định bổ trợ (complementary determining region-CDR), như được mô tả ở đây. Ở một vài protein gắn kết kháng nguyên, các CDR được gắn vào vùng "khung", mà định hướng (các) CDR sao cho thu được các đặc tính gắn kết với kháng nguyên thích hợp của (các) CDR. Các protein gắn kết kháng nguyên nhất định được mô tả ở đây là các kháng thể hoặc được thu từ các kháng thể. Ở các protein gắn kết kháng nguyên khác, các trình tự CDR được gắn vào một loại khung protein khác. Các cấu trúc khác còn được mô tả dưới đây.

Protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây có nhiều tính hữu dụng. Protein gắn kết kháng nguyên, ví dụ, là hữu dụng trong các thử nghiệm gắn kết đặc hiệu, tinh chế ái lực GIPR, và trong các thử nghiệm sàng lọc để xác định các chất đối kháng khác có hoạt tính GIPR. Các cách sử dụng khác đối với các protein gắn kết kháng nguyên bao gồm, ví dụ, chẩn đoán các bệnh hoặc tình trạng bệnh có liên quan đến GIPR và các thử nghiệm sàng lọc để xác định sự có mặt hoặc không có mặt GIPR. Giả sử là protein gắn kết kháng nguyên được đề cập là các chất đối kháng, thì các protein gắn kết kháng nguyên GIPR có giá trị trong các phương pháp điều trị trong đó protein này hữu dụng để làm giảm sự tăng cân, thậm chí vẫn duy trì hoặc làm tăng sự tiếp nhận thức ăn, làm tăng % khối lượng mỡ và làm tăng % khối lượng nạc, cải thiện khả năng dung nạp glucoza, làm giảm lượng insulin, làm giảm lượng cholesterol và triglyxerit. Do đó, protein gắn kết kháng nguyên có tính hữu dụng trong điều trị và phòng ngừa bệnh tiểu đường, ví dụ, bệnh tiểu đường typ 2, bệnh béo phì, rối loạn lipit huyết, tình trạng tăng lượng glucoza hoặc tình trạng tăng lượng insulin.

Nhiều chất gắn kết chọn lọc hữu dụng để điều biến hoạt tính của GIPR được đề cập. Các chất này bao gồm, ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên chứa vùng gấp gắn kết kháng nguyên (ví dụ, scFv, các kháng thể vùng gấp, và polypeptit có vùng gắn kết kháng

nguyên) và gắn kết đặc hiệu với polypeptit GIPR, cụ thể là GIPR của người. Một vài chất, ví dụ, là hữu dụng để tăng cường hoạt tính của GIPR, và có thể hoạt hóa một hoặc nhiều hoạt tính có liên quan đến GIPR.

Nói chung các protein gắn kết kháng nguyên được đề cập thường chứa một hoặc nhiều CDR như được mô tả ở đây (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6). Trong một vài trường hợp, protein gắn kết kháng nguyên chứa (a) cấu trúc polypeptit và (b) một hoặc nhiều CDR được gài vào và/hoặc được nối với cấu trúc polypeptit. Cấu trúc polypeptit có thể có nhiều dạng khác nhau. Ví dụ, protein này có thể là, hoặc bao gồm, khung của kháng thể có nguồn gốc trong tự nhiên, hoặc đoạn hoặc biến thể của nó, hoặc có thể có bản chất tổng hợp hoàn toàn. Ví dụ về các cấu trúc polypeptit khác còn được mô tả dưới đây.

Theo các phương án nhất định, cấu trúc polypeptit của protein gắn kết kháng nguyên là kháng thể hoặc được thu từ kháng thể. Do đó, ví dụ về các protein gắn kết kháng nguyên nhất định được đề cập bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các kháng thể đơn dòng, kháng thể đặc hiệu kép, tiểu kháng thể, kháng thể vùng gấp như Nanobodies®, kháng thể tổng hợp (đôi khi ở đây được gọi là "các phân tử bắt chước kháng thể"), các kháng thể khảm, kháng thể được làm tương thích với người, kháng thể người, thể dung hợp kháng thể, và các phần hoặc các đoạn của mỗi loại kháng thể này, tương ứng. Trong một vài trường hợp, protein gắn kết kháng nguyên là một đoạn có tính miễn dịch của một kháng thể đầy đủ (ví dụ, Fab, Fab', F(ab')2). Trong các trường hợp khác, protein gắn kết kháng nguyên là scFv mà sử dụng các CDR từ kháng thể theo sáng chế.

Protein gắn kết kháng nguyên như được đề cập ở đây gắn kết đặc hiệu với GIPR của người. Theo một phương án cụ thể, protein gắn kết kháng nguyên gắn kết đặc hiệu với GIPR của người chứa hoặc bao gồm trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 3141. Theo một phương án cụ thể, protein gắn kết kháng nguyên gắn kết đặc hiệu với GIPR của người chứa hoặc bao gồm trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 3143. Theo một phương án cụ thể, protein gắn kết kháng nguyên gắn kết đặc hiệu với GIPR của người chứa hoặc bao gồm trình tự axit amin nêu trong SEQ ID NO: 3145.

Protein gắn kết kháng nguyên được đề cập là các chất đối kháng và thường có một, hai, ba, bốn, năm, sáu, bảy hoặc toàn bộ tám đặc tính dưới đây:

(a) khả năng ngăn ngừa hoặc làm giảm sự gắn kết của GIP với GIPR, trong đó các lượng có thể được đo, ví dụ, bằng các phương pháp như nghiên cứu gắn kết phối tử

được đánh dấu huỳnh quang hoặc có hoạt tính phóng xạ, hoặc bằng các phương pháp được mô tả ở đây (ví dụ, thử nghiệm cAMP hoặc các thử nghiệm chức năng khác). Mức giảm có thể ít nhất là 10, 25, 50, 100% hoặc nhiều hơn so với lượng SEQ ID NO: 3141, 3143 hoặc 3145 trước khi điều trị trong các điều kiện tương đương.

(b) khả năng làm giảm lượng glucoza trong máu;

(c) khả năng làm tăng sự dung nạp glucoza;

(d) khả năng làm tăng độ nhạy insulin;

(e) khả năng làm giảm thể trọng hoặc làm giảm sự tăng thể trọng;

(f) khả năng làm giảm khối lượng mỡ hoặc làm giảm tình trạng viêm ở mô mỡ;

(g) khả năng làm giảm lượng insulin khi đói;

(h) khả năng làm giảm lượng cholesterol tuần hoàn;

(i) khả năng làm giảm lượng triglyxerit tuần hoàn;

(j) khả năng làm giảm tình trạng gan nhiễm mỡ hoặc làm giảm lượng triglyxerit trong gan;

(k) khả năng làm giảm lượng AST, ALT, và/hoặc ALP.

Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên GIPR có một hoặc nhiều hoạt tính sau:

(a) gắn kết với GIPR của người sao cho KD ≤200nM, ≤150nM, ≤100nM , ≤50nM, ≤10nM, ≤5nM, ≤2nM, hoặc ≤1nM, ví dụ, như được đo bằng kỹ thuật cộng hưởng plasma bề mặt hoặc thử nghiệm loại trừ động học.

(b) có thời gian bán thải trong huyết thanh của người ít nhất là 3 ngày;

Một vài protein gắn kết kháng nguyên được đề cập có tốc độ liên kết (ka) đối với GIPR ít nhất là 10^4/M x giây, ít nhất là 10^5/M x giây, hoặc ít nhất là 10^6/M x giây như được đo, ví dụ, như được mô tả dưới đây. Các protein gắn kết kháng nguyên nhất định được đề cập có tốc độ phân ly chậm. Một vài protein gắn kết kháng nguyên, ví dụ, có kd (tốc độ phân ly) bằng 1x 10^{-2} s^{-1}, hoặc 1x 10^{-3} s^{-1}, hoặc 1x 10^{-4} s^{-1}, hoặc 1x 10^{-5} s^{-1}. Theo các phương án nhất định, protein gắn kết kháng nguyên có KD (ái lực liên kết cân bằng) nhỏ hơn 25pM, 50pM, 100pM, 500pM, 1nM, 5nM, 10nM, 25nM hoặc 50nM.

Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên được đề cập có thời gian bán thải ít nhất là một ngày in vitro hoặc in vivo (ví dụ, nếu được sử dụng cho đối tượng là người). Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên có thời gian bán thải ít

nhất là ba ngày. Theo các phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên có thời gian bán thải là 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, hoặc 60 ngày hoặc lâu hơn. Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên được tạo dẫn xuất hoặc được cải biến sao cho nó có thời gian bán thải dài hơn so với kháng thể không được tạo dẫn xuất hoặc không được cải biến. Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên chứa các đột biến điểm để làm tăng thời gian bán thải trong huyết thanh. Chi tiết thêm về đột biến và các dạng được tạo dẫn xuất như vậy được đề cập dưới đây.

Một vài protein gắn kết kháng nguyên được đề cập có cấu trúc thường có liên quan đến các kháng thể có nguồn gốc trong tự nhiên. Các đơn vị cấu trúc của các kháng thể này thường bao gồm một hoặc nhiều tetrame, mỗi tetrame gồm hai cặp chuỗi polypeptit giống nhau, mặc dù một vài loài động vật có vú cũng có thể tổng hợp các kháng thể chỉ có một chuỗi nặng. Trong kháng thể thông thường, mỗi cặp bao gồm một chuỗi "nhẹ" có chiều dài đầy đủ (theo các phương án nhất định, có kích thước khoảng 25kDa) và một chuỗi "nặng" có chiều dài đầy đủ (theo các phương án nhất định, có kích thước khoảng 50-70kDa). Mỗi chuỗi globulin miễn dịch riêng biệt gồm một vài "vùng gấp của globulin miễn dịch", mỗi vùng gấp có chừng 90 đến 110 axit amin và có kiểu gấp đặc trưng. Các vùng gấp này là các đơn vị cơ bản mà tạo nên các polypeptit kháng thể. Phần đầu amino của mỗi chuỗi thường bao gồm vùng gấp biến đổi có vai trò nhận diện kháng nguyên. Phần đầu carboxy được bảo toàn về mặt tiến hóa nhiều hơn so với đầu còn lại của chuỗi và được gọi là "vùng cố định" hoặc "vùng C ". Các chuỗi nhẹ của người thường được phân loại là các chuỗi nhẹ kappa và lambda, mỗi chuỗi nhẹ chứa một vùng gấp biến đổi và một vùng gấp cố định. Các chuỗi nặng thường được phân loại là các chuỗi mu, delta, gamma, alpha, hoặc epsilon, và các chuỗi nặng này xác định isotyp của kháng thể là IgM, IgD, IgG, IgA, và IgE, tương ứng. IgG có một vài typ phụ, bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, IgG1, IgG2, IgG3, và IgG4. Các typ phụ IgM bao gồm IgM và IgM2. Các typ phụ IgA bao gồm IgA1 và IgA2. Ở người, các isotyp IgA và IgD gồm bốn chuỗi nặng và bốn chuỗi nhẹ; các isotyp IgG và IgE gồm hai chuỗi nặng và hai chuỗi nhẹ; và isotyp IgM gồm năm chuỗi nặng và năm chuỗi nhẹ. Vùng C của chuỗi nặng thường gồm một hoặc nhiều vùng gấp có vai trò thực hiện chức năng hiệu ứng. Số vùng gấp trong vùng cố định của chuỗi nặng sẽ tùy thuộc vào isotyp. Các chuỗi nặng IgG, ví dụ, mỗi chuỗi gồm ba vùng gấp trong vùng C được biết đến là CH1, CH2 và CH3. Các kháng thể được đề cập có thể có isotyp và typ phụ bất kỳ trong số các isotyp và typ phụ

này. Theo các phương án nhất định, kháng thể kháng GIPR là thuộc typ phụ IgG1, IgG2, hoặc IgG4. Các thuật ngữ "kháng thể kháng GIPR" và "kháng thể kháng GIPR" được sử dụng thay thế cho nhau trong bản mô tả và các hình vẽ này. Cả hai thuật ngữ này được dùng để chỉ kháng thể gắn kết với GIPR.

Ở các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ, các vùng cố định và biến đổi được liên kết với nhau bởi vùng "J" gồm khoảng 12 axit amin hoặc nhiều hơn, trong đó chuỗi nặng cũng bao gồm vùng "D" gồm khoảng nhiều hơn mười axit amin. Xem tài liệu, ví dụ, Fundamental Immunology, 2nd ed., Ch. 7 (Paul, W., ed.) 1989, New York: Raven Press (được đưa vào đây bằng cách viện dẫn). Các vùng biến đổi của mỗi cặp chuỗi nhẹ/nặng thường tạo thành vị trí gắn kết với kháng nguyên.

Đối với các kháng thể được đề cập ở đây, các vùng biến đổi của các chuỗi globulin miễn dịch thường có cùng cấu trúc toàn diện, lần lượt chứa các vùng khung bảo toàn (framework region-FR) được nối với nhau nhờ ba vùng siêu biến, phổ biến hơn được gọi là "vùng quyết định bổ trợ" hoặc CDR. Các CDR từ hai chuỗi của mỗi cặp chuỗi nặng/chuỗi nhẹ được đề cập trên đây thường được sắp thẳng hàng bởi các vùng khung để tạo nên một cấu trúc gắn kết đặc hiệu với epitop cụ thể trên GIPR. Từ đầu N đến đầu C, các vùng biến đổi chuỗi nhẹ và nặng có nguồn gốc trong tự nhiên thông thường đều tuân theo trật tự gồm các yếu tố dưới đây: FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3 và FR4. Một hệ đánh số được đưa ra để đánh số cho axit amin có mặt ở các vị trí ở mỗi trong số các vùng gấp này. Hệ đánh số này được nêu trong tài liệu Kabat Sequences of Proteins of Immunological Interest (1987 và 1991, NIH, Bethesda, Md.), hoặc Chothia & Lesk, 1987, J. Mol. Biol. 196:901-917; Chothia et al., 1989, Nature 342:878-883.

Thông tin trình tự của các kháng thể cụ thể được điều chế và được xác định như được mô tả trong các ví dụ dưới đây được thể hiện tóm tắt trong Bảng 1. Do đó, theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên là kháng thể có các trình tự CDR, vùng gấp biến đổi và trình tự chuỗi nặng và chuỗi nhẹ như được nêu trong một trong số các hàng của Bảng 1.

Các SEQ ID NO đã được gán cho các trình tự chuỗi nhẹ biến đổi, chuỗi nặng biến đổi, chuỗi nhẹ, chuỗi nặng, CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3 của các kháng thể và các đoạn của chúng theo sáng chế và được thể hiện trong Bảng 1. Các SEQ ID NO cũng được gán cho các polynucleotit mã hóa các trình tự chuỗi nhẹ biến đổi, chuỗi nặng biến đổi, chuỗi nhẹ, chuỗi nặng, CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1,

CDRH2, và CDRH3 của các kháng thể và các đoạn của chúng theo sáng chế và được thể hiện trong Bảng 2. Protein gắn kết kháng nguyên theo sáng chế có thể được xác định bằng SEQ ID NO, song cũng có thể được xác định bằng tên cấu trúc (ví dụ, 2C2.005) hoặc số nhận dạng (ví dụ, iPS:336175). Protein gắn kết kháng nguyên được nêu trong BẢNG 1-5 dưới đây có thể được chia thành các họ dựa vào tên cấu trúc. Ví dụ, "họ 4B1" bao gồm các cấu trúc 4B1, 4B1.010, 4B1.011, 4B1.012, 4B1.013, 4B1.014, 4B1.015, và 4B1.016.

Các vùng biến đổi của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ khác nhau được đề cập ở đây được mô tả trong BẢNG 3. Mỗi trong số các vùng biến đổi này có thể được gắn vào các vùng cố định của chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng để tạo nên một chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của kháng thể đầy đủ, tương ứng. Hơn nữa, mỗi trong số các trình tự chuỗi nhẹ và chuỗi nặng được tạo ra như vậy có thể được kết hợp với nhau để tạo nên một cấu trúc kháng thể đầy đủ.

Bảng 1. Các SEQ ID NO. axit amin

Ký hiệu nhận biết	Cấu trúc	VL	VH	LC	HC	CDRL1	CDRL2	CDRL3	CDRH1	CDRH2	CDRH3
iPS:336175	2C2.005	1	158	315	472	629	786	943	1100	1257	1414
iPS:335914	4B1	2	159	316	473	630	787	944	1101	1258	1415
iPS:335938	6H1	3	160	317	474	631	788	945	1102	1259	1416
iPS:335941	2F11	4	161	318	475	632	789	946	1103	1260	1417
iPS:335970	5C2	5	162	319	476	633	790	947	1104	1261	1418
iPS:335978	13H12	6	163	320	477	634	791	948	1105	1262	1419
iPS:335986	11C1	7	164	321	478	635	792	949	1106	1263	1420
iPS:335994	12H11	8	165	322	479	636	793	950	1107	1264	1421
iPS:336024	18E3	9	166	323	480	637	794	951	1108	1265	1422
iPS:336041	2G10_LC1	10	167	324	481	638	795	952	1109	1266	1423
iPS:336077	4H9.004	11	168	325	482	639	796	953	1110	1267	1424
iPS:336088	6A5.004	12	169	326	483	640	797	954	1111	1268	1425
iPS:336099	17H11.004	13	170	327	484	641	798	955	1112	1269	1426
iPS:359621	17H11.004.001	14	171	328	485	642	799	956	1113	1270	1427
iPS:359781	4H9.004.001	15	172	329	486	643	800	957	1114	1271	1428
iPS:360929	4H9.004.002	16	173	330	487	644	801	958	1115	1272	1429
iPS:360936	4H9.004.003	17	174	331	488	645	802	959	1116	1273	1430

iPS:360943	4H9.004.004	18	175	332	489	646	803	960	1117	1274	1431
iPS:360949	4H9.004.005	19	176	333	490	647	804	961	1118	1275	1432
iPS:359761	4H9.004.006	20	177	334	491	648	805	962	1119	1276	1433
iPS:360955	4B1.010	21	178	335	492	649	806	963	1120	1277	1434
iPS:360962	4B1.011	22	179	336	493	650	807	964	1121	1278	1435
iPS:360968	4B1.012	23	180	337	494	651	808	965	1122	1279	1436
iPS:360974	4B1.013	24	181	338	495	652	809	966	1123	1280	1437
iPS:360978	4B1.014	25	182	339	496	653	810	967	1124	1281	1438
iPS:359785	4B1.015	26	183	340	497	654	811	968	1125	1282	1439
iPS:360982	4B1.016	27	184	341	498	655	812	969	1126	1283	1440
iPS:335922	18F2	28	185	342	499	656	813	970	1127	1284	1441
iPS:360986	18F2.002	29	186	343	500	657	814	971	1128	1285	1442
iPS:360995	18F2.003	30	187	344	501	658	815	972	1129	1286	1443
iPS:360999	18F2.004	31	188	345	502	659	816	973	1130	1287	1444
iPS:361005	18F2.005	32	189	346	503	660	817	974	1131	1288	1445
iPS:361009	18F2.006	33	190	347	504	661	818	975	1132	1289	1446
iPS:361013	18F2.007	34	191	348	505	662	819	976	1133	1290	1447
iPS:361017	18F2.008	35	192	349	506	663	820	977	1134	1291	1448
iPS:361021	18F2.009	36	193	350	507	664	821	978	1135	1292	1449
iPS:361028	18F2.010	37	194	351	508	665	822	979	1136	1293	1450
iPS:360535	18F2.011	38	195	352	509	666	823	980	1137	1294	1451

iPS:361035	18F2.012	39	196	353	510	667	824	981	1138	1295	1452
iPS:359940	2F11.002	40	197	354	511	668	825	982	1139	1296	1453
iPS:361039	2F11.003	41	198	355	512	669	826	983	1140	1297	1454
iPS:361043	2F11.004	42	199	356	513	670	827	984	1141	1298	1455
iPS:361049	2F11.005	43	200	357	514	671	828	985	1142	1299	1456
iPS:361055	2F11.006	44	201	358	515	672	829	986	1143	1300	1457
iPS:361059	2F11.007	45	202	359	516	673	830	987	1144	1301	1458
iPS:361063	2F11.008	46	203	360	517	674	831	988	1145	1302	1459
iPS:359949	2F11.009	47	204	361	518	675	832	989	1146	1303	1460
iPS:359956	2F11.010	48	205	362	519	676	833	990	1147	1304	1461
iPS:359865	6H1.002	49	206	363	520	677	834	991	1148	1305	1462
iPS:359869	6H1.003	50	207	364	521	678	835	992	1149	1306	1463
iPS:359873	6H1.004	51	208	365	522	679	836	993	1150	1307	1464
iPS:359877	6H1.005	52	209	366	523	680	837	994	1151	1308	1465
iPS:361067	6H1.006	53	210	367	524	681	838	995	1152	1309	1466
iPS:361071	6H1.007	54	211	368	525	682	839	996	1153	1310	1467
iPS:361075	6H1.008	55	212	369	526	683	840	997	1154	1311	1468
iPS:361079	6A5.004.001	56	213	370	527	684	841	998	1155	1312	1469
iPS:361085	6A5.004.002	57	214	371	528	685	842	999	1156	1313	1470
iPS:361091	6A5.004.003	58	215	372	529	686	843	1000	1157	1314	1471
iPS:361095	6A5.004.004	59	216	373	530	687	844	1001	1158	1315	1472

iPS:361101	6A5.004.005	60	217	374	531	688	845	1002	1159	1316	1473
iPS:361105	6A5.004.006	61	218	375	532	689	846	1003	1160	1317	1474
iPS:361109	6A5.004.007	62	219	376	533	690	847	1004	1161	1318	1475
iPS:361113	6A5.004.008	63	220	377	534	691	848	1005	1162	1319	1476
iPS:361120	6A5.004.009	64	221	378	535	692	849	1006	1163	1320	1477
iPS:359896	6A5.004.010	65	222	379	536	693	850	1007	1164	1321	1478
iPS:359890	6A5.004.011	66	223	380	537	694	851	1008	1165	1322	1479
iPS:359567	2A11.002	67	224	381	538	695	852	1009	1166	1323	1480
iPS:335965	2A11.003	68	225	382	539	696	853	1010	1167	1324	1481
iPS:361158	2A11.004	69	226	383	540	697	854	1011	1168	1325	1482
iPS:361165	2A11.005	70	227	384	541	698	855	1012	1169	1326	1483
iPS:361172	2G10_LC1.003	71	228	385	542	699	856	1013	1170	1327	1484
iPS:361178	2G10_LC1.004	72	229	386	543	700	857	1014	1171	1328	1485
iPS:361185	2G10_LC1.005	73	230	387	544	701	858	1015	1172	1329	1486
iPS:361192	2G10_LC1.006	74	231	388	545	702	859	1016	1173	1330	1487
iPS:359609	2G10_LC1.007	75	232	389	546	703	860	1017	1174	1331	1488
iPS:359615	2G10_LC1.008	76	233	390	547	704	861	1018	1175	1332	1489
iPS:361196	2G10_LC1.009	77	234	391	548	705	862	1019	1176	1333	1490
iPS:361202	2G10_LC1.010	78	235	392	549	706	863	1020	1177	1334	1491
iPS:359644	18E3.002	79	236	393	550	707	864	1021	1178	1335	1492
iPS:361206	18E3.003	80	237	394	551	708	865	1022	1179	1336	1493

iPS:359628	18E3.004	81	238	395	552	709	866	1023	1180	1337	1494
iPS:359637	18E3.005	82	239	396	553	710	867	1024	1181	1338	1495
iPS:361210	18E3.006	83	240	397	554	711	868	1025	1182	1339	1496
iPS:361214	18E3.007	84	241	398	555	712	869	1026	1183	1340	1497
iPS:361218	18E3.008	85	242	399	556	713	870	1027	1184	1341	1498
iPS:361222	5C2.006	86	243	400	557	714	871	1028	1185	1342	1499
iPS:361229	5C2.007	87	244	401	558	715	872	1029	1186	1343	1500
iPS:361236	5C2.008	88	245	402	559	716	873	1030	1187	1344	1501
iPS:359685	5C2.009	89	246	403	560	717	874	1031	1188	1345	1502
iPS:361240	5C2.010	90	247	404	561	718	875	1032	1189	1346	1503
iPS:361247	5C2.011	91	248	405	562	719	876	1033	1190	1347	1504
iPS:361254	5C2.012	92	249	406	563	720	877	1034	1191	1348	1505
iPS:361261	5C2.013	93	250	407	564	721	878	1035	1192	1349	1506
iPS:361268	5C2.014	94	251	408	565	722	879	1036	1193	1350	1507
iPS:359669	5C2.015	95	252	409	566	723	880	1037	1194	1351	1508
iPS:359678	5C2.016	96	253	410	567	724	881	1038	1195	1352	1509
iPS:361275	11C1.002	97	254	411	568	725	882	1039	1196	1353	1510
iPS:361282	11C1.003	98	255	412	569	726	883	1040	1197	1354	1511
iPS:361289	11C1.004	99	256	413	570	727	884	1041	1198	1355	1512
iPS:359712	11C1.005	100	257	414	571	728	885	1042	1199	1356	1513
iPS:361293	11C1.006	101	258	415	572	729	886	1043	1200	1357	1514

iPS:361297	11C1.007	102	259	416	573	730	887	1044	1201	1358	1515
iPS:361301	11C1.008	103	260	417	574	731	888	1045	1202	1359	1516
iPS:359703	11C1.009	104	261	418	575	732	889	1046	1203	1360	1517
iPS:361305	11C1.010	105	262	419	576	733	890	1047	1204	1361	1518
iPS:361312	13H12.002	106	263	420	577	734	891	1048	1205	1362	1519
iPS:359744	13H12.003	107	264	421	578	735	892	1049	1206	1363	1520
iPS:361319	13H12.004	108	265	422	579	736	893	1050	1207	1364	1521
iPS:359737	13H12.005	109	266	423	580	737	894	1051	1208	1365	1522
iPS:361326	13H12.006	110	267	424	581	738	895	1052	1209	1366	1523
iPS:361330	12H11.002	111	268	425	582	739	896	1053	1210	1367	1524
iPS:361337	12H11.003	112	269	426	583	740	897	1054	1211	1368	1525
iPS:361344	12H11.004	113	270	427	584	741	898	1055	1212	1369	1526
iPS:361351	12H11.005	114	271	428	585	742	899	1056	1213	1370	1527
iPS:361358	12H11.006	115	272	429	586	743	900	1057	1214	1371	1528
iPS:361365	12H11.007	116	273	430	587	744	901	1058	1215	1372	1529
iPS:361372	12H11.008	117	274	431	588	745	902	1059	1216	1373	1530
iPS:361379	12H11.009	118	275	432	589	746	903	1060	1217	1374	1531
iPS:361383	12H11.010	119	276	433	590	747	904	1061	1218	1375	1532
iPS:361387	12H11.011	120	277	434	591	748	905	1062	1219	1376	1533
iPS:361391	12H11.012	121	278	435	592	749	906	1063	1220	1377	1534
iPS:361395	12H11.013	122	279	436	593	750	907	1064	1221	1378	1535

iPS:361402	12H11.014	123	280	437	594	751	908	1065	1222	1379	1536
iPS:361406	2C2.005.001	124	281	438	595	752	909	1066	1223	1380	1537
iPS:361412	2C2.005.002	125	282	439	596	753	910	1067	1224	1381	1538
iPS:361418	2C2.005.003	126	283	440	597	754	911	1068	1225	1382	1539
iPS:361424	2C2.005.004	127	284	441	598	755	912	1069	1226	1383	1540
iPS:361430	2C2.005.005	128	285	442	599	756	913	1070	1227	1384	1541
iPS:361436	2C2.005.006	129	286	443	600	757	914	1071	1228	1385	1542
iPS:361442	2C2.005.007	130	287	444	601	758	915	1072	1229	1386	1543
iPS:361448	2C2.005.008	131	288	445	602	759	916	1073	1230	1387	1544
iPS:361454	2C2.005.009	132	289	446	603	760	917	1074	1231	1388	1545
iPS:361460	2C2.005.010	133	290	447	604	761	918	1075	1232	1389	1546
iPS:361466	2C2.005.011	134	291	448	605	762	919	1076	1233	1390	1547
iPS:361472	2C2.005.012	135	292	449	606	763	920	1077	1234	1391	1548
iPS:361478	2C2.005.013	136	293	450	607	764	921	1078	1235	1392	1549
iPS:361485	2C2.005.014	137	294	451	608	765	922	1079	1236	1393	1550
iPS:361845	18F2.013	138	295	452	609	766	923	1080	1237	1394	1551
iPS:361851	6H1.009	139	296	453	610	767	924	1081	1238	1395	1552
iPS:361855	2C2.005.015	140	297	454	611	768	925	1082	1239	1396	1553
iPS:336067	5G12.006	141	298	455	612	769	926	1083	1240	1397	1554
iPS:336169	17B11.002	142	299	456	613	770	927	1084	1241	1398	1555
iPS:361127	5G12.006.001	143	300	457	614	771	928	1085	1242	1399	1556

iPS:361136	5G12.006.002	144	301	458	615	772	929	1086	1243	1400	1557
iPS:361140	5G12.006.003	145	302	459	616	773	930	1087	1244	1401	1558
iPS:359919	5G12.006.004	146	303	460	617	774	931	1088	1245	1402	1559
iPS:361144	5G12.006.005	147	304	461	618	775	932	1089	1246	1403	1560
iPS:361151	5G12.006.006	148	305	462	619	776	933	1090	1247	1404	1561
iPS:361491	17B11.002.001	149	306	463	620	777	934	1091	1248	1405	1562
iPS:361499	17B11.002.002	150	307	464	621	778	935	1092	1249	1406	1563
iPS:361503	17B11.002.003	151	308	465	622	779	936	1093	1250	1407	1564
iPS:361507	17B11.002.004	152	309	466	623	780	937	1094	1251	1408	1565
iPS:361514	17B11.002.005	153	310	467	624	781	938	1095	1252	1409	1566
iPS:360582	17B11.002.006	154	311	468	625	782	939	1096	1253	1410	1567
iPS:361518	17B11.002.007	155	312	469	626	783	940	1097	1254	1411	1568
iPS:360570	17B11.002.008	156	313	470	627	784	941	1098	1255	1412	1569
iPS:362051	5G12.005.001	157	314	471	628	785	942	1099	1256	1413	1570

Bảng 2. Axit nucleic SEQ ID NO.

Ký hiệu nhận biết	Cấu trúc	VL	VH	LC	HC	CDRL1	CDRL2	CDRL3	CDRH1	CDRH2	CDRH3
iPS:336175	2C2.005	1571	1728	1885	2042	2199	2356	2513	2670	2827	2984
iPS:335914	4B1	1572	1729	1886	2043	2200	2357	2514	2671	2828	2985

iPS:335938	6H1	1573	1730	1887	2044	2201	2358	2515	2672	2829	2986
iPS:335941	2F11	1574	1731	1888	2045	2202	2359	2516	2673	2830	2987
iPS:335970	5C2	1575	1732	1889	2046	2203	2360	2517	2674	2831	2988
iPS:335978	13H12	1576	1733	1890	2047	2204	2361	2518	2675	2832	2989
iPS:335986	11C1	1577	1734	1891	2048	2205	2362	2519	2676	2833	2990
iPS:335994	12H11	1578	1735	1892	2049	2206	2363	2520	2677	2834	2991
iPS:336024	18E3	1579	1736	1893	2050	2207	2364	2521	2678	2835	2992
iPS:336041	2G10_LC1	1580	1737	1894	2051	2208	2365	2522	2679	2836	2993
iPS:336077	4H9.004	1581	1738	1895	2052	2209	2366	2523	2680	2837	2994
iPS:336088	6A5.004	1582	1739	1896	2053	2210	2367	2524	2681	2838	2995
iPS:336099	17H11.004	1583	1740	1897	2054	2211	2368	2525	2682	2839	2996
iPS:359621	17H11.004.001	1584	1741	1898	2055	2212	2369	2526	2683	2840	2997
iPS:359781	4H9.004.001	1585	1742	1899	2056	2213	2370	2527	2684	2841	2998
iPS:360929	4H9.004.002	1586	1743	1900	2057	2214	2371	2528	2685	2842	2999
iPS:360936	4H9.004.003	1587	1744	1901	2058	2215	2372	2529	2686	2843	3000
iPS:360943	4H9.004.004	1588	1745	1902	2059	2216	2373	2530	2687	2844	3001
iPS:360949	4H9.004.005	1589	1746	1903	2060	2217	2374	2531	2688	2845	3002
iPS:359761	4H9.004.006	1590	1747	1904	2061	2218	2375	2532	2689	2846	3003
iPS:360955	4B1.010	1591	1748	1905	2062	2219	2376	2533	2690	2847	3004
iPS:360962	4B1.011	1592	1749	1906	2063	2220	2377	2534	2691	2848	3005
iPS:360968	4B1.012	1593	1750	1907	2064	2221	2378	2535	2692	2849	3006

iPS:360974	4B1.013	1594	1751	1908	2065	2222	2379	2536	2693	2850	3007
iPS:360978	4B1.014	1595	1752	1909	2066	2223	2380	2537	2694	2851	3008
iPS:359785	4B1.015	1596	1753	1910	2067	2224	2381	2538	2695	2852	3009
iPS:360982	4B1.016	1597	1754	1911	2068	2225	2382	2539	2696	2853	3010
iPS:335922	18F2	1598	1755	1912	2069	2226	2383	2540	2697	2854	3011
iPS:360986	18F2.002	1599	1756	1913	2070	2227	2384	2541	2698	2855	3012
iPS:360995	18F2.003	1600	1757	1914	2071	2228	2385	2542	2699	2856	3013
iPS:360999	18F2.004	1601	1758	1915	2072	2229	2386	2543	2700	2857	3014
iPS:361005	18F2.005	1602	1759	1916	2073	2230	2387	2544	2701	2858	3015
iPS:361009	18F2.006	1603	1760	1917	2074	2231	2388	2545	2702	2859	3016
iPS:361013	18F2.007	1604	1761	1918	2075	2232	2389	2546	2703	2860	3017
iPS:361017	18F2.008	1605	1762	1919	2076	2233	2390	2547	2704	2861	3018
iPS:361021	18F2.009	1606	1763	1920	2077	2234	2391	2548	2705	2862	3019
iPS:361028	18F2.010	1607	1764	1921	2078	2235	2392	2549	2706	2863	3020
iPS:360535	18F2.011	1608	1765	1922	2079	2236	2393	2550	2707	2864	3021
iPS:361035	18F2.012	1609	1766	1923	2080	2237	2394	2551	2708	2865	3022
iPS:359940	2F11.002	1610	1767	1924	2081	2238	2395	2552	2709	2866	3023
iPS:361039	2F11.003	1611	1768	1925	2082	2239	2396	2553	2710	2867	3024
iPS:361043	2F11.004	1612	1769	1926	2083	2240	2397	2554	2711	2868	3025
iPS:361049	2F11.005	1613	1770	1927	2084	2241	2398	2555	2712	2869	3026
iPS:361055	2F11.006	1614	1771	1928	2085	2242	2399	2556	2713	2870	3027

iPS:361059	2F11.007	1615	1772	1929	2086	2243	2400	2557	2714	2871	3028
iPS:361063	2F11.008	1616	1773	1930	2087	2244	2401	2558	2715	2872	3029
iPS:359949	2F11.009	1617	1774	1931	2088	2245	2402	2559	2716	2873	3030
iPS:359956	2F11.010	1618	1775	1932	2089	2246	2403	2560	2717	2874	3031
iPS:359865	6H1.002	1619	1776	1933	2090	2247	2404	2561	2718	2875	3032
iPS:359869	6H1.003	1620	1777	1934	2091	2248	2405	2562	2719	2876	3033
iPS:359873	6H1.004	1621	1778	1935	2092	2249	2406	2563	2720	2877	3034
iPS:359877	6H1.005	1622	1779	1936	2093	2250	2407	2564	2721	2878	3035
iPS:361067	6H1.006	1623	1780	1937	2094	2251	2408	2565	2722	2879	3036
iPS:361071	6H1.007	1624	1781	1938	2095	2252	2409	2566	2723	2880	3037
iPS:361075	6H1.008	1625	1782	1939	2096	2253	2410	2567	2724	2881	3038
iPS:361079	6A5.004.001	1626	1783	1940	2097	2254	2411	2568	2725	2882	3039
iPS:361085	6A5.004.002	1627	1784	1941	2098	2255	2412	2569	2726	2883	3040
iPS:361091	6A5.004.003	1628	1785	1942	2099	2256	2413	2570	2727	2884	3041
iPS:361095	6A5.004.004	1629	1786	1943	2100	2257	2414	2571	2728	2885	3042
iPS:361101	6A5.004.005	1630	1787	1944	2101	2258	2415	2572	2729	2886	3043
iPS:361105	6A5.004.006	1631	1788	1945	2102	2259	2416	2573	2730	2887	3044
iPS:361109	6A5.004.007	1632	1789	1946	2103	2260	2417	2574	2731	2888	3045
iPS:361113	6A5.004.008	1633	1790	1947	2104	2261	2418	2575	2732	2889	3046
iPS:361120	6A5.004.009	1634	1791	1948	2105	2262	2419	2576	2733	2890	3047
iPS:359896	6A5.004.010	1635	1792	1949	2106	2263	2420	2577	2734	2891	3048

iPS:359890	6A5.004.011	1636	1793	1950	2107	2264	2421	2578	2735	2892	3049
iPS:359567	2A11.002	1637	1794	1951	2108	2265	2422	2579	2736	2893	3050
iPS:335965	2A11.003	1638	1795	1952	2109	2266	2423	2580	2737	2894	3051
iPS:361158	2A11.004	1639	1796	1953	2110	2267	2424	2581	2738	2895	3052
iPS:361165	2A11.005	1640	1797	1954	2111	2268	2425	2582	2739	2896	3053
iPS:361172	2G10_LC1.003	1641	1798	1955	2112	2269	2426	2583	2740	2897	3054
iPS:361178	2G10_LC1.004	1642	1799	1956	2113	2270	2427	2584	2741	2898	3055
iPS:361185	2G10_LC1.005	1643	1800	1957	2114	2271	2428	2585	2742	2899	3056
iPS:361192	2G10_LC1.006	1644	1801	1958	2115	2272	2429	2586	2743	2900	3057
iPS:359609	2G10_LC1.007	1645	1802	1959	2116	2273	2430	2587	2744	2901	3058
iPS:359615	2G10_LC1.008	1646	1803	1960	2117	2274	2431	2588	2745	2902	3059
iPS:361196	2G10_LC1.009	1647	1804	1961	2118	2275	2432	2589	2746	2903	3060
iPS:361202	2G10_LC1.010	1648	1805	1962	2119	2276	2433	2590	2747	2904	3061
iPS:359644	18E3.002	1649	1806	1963	2120	2277	2434	2591	2748	2905	3062
iPS:361206	18E3.003	1650	1807	1964	2121	2278	2435	2592	2749	2906	3063
iPS:359628	18E3.004	1651	1808	1965	2122	2279	2436	2593	2750	2907	3064
iPS:359637	18E3.005	1652	1809	1966	2123	2280	2437	2594	2751	2908	3065
iPS:361210	18E3.006	1653	1810	1967	2124	2281	2438	2595	2752	2909	3066
iPS:361214	18E3.007	1654	1811	1968	2125	2282	2439	2596	2753	2910	3067
iPS:361218	18E3.008	1655	1812	1969	2126	2283	2440	2597	2754	2911	3068
iPS:361222	5C2.006	1656	1813	1970	2127	2284	2441	2598	2755	2912	3069

iPS:361229	5C2.007	1657	1814	1971	2128	2285	2442	2599	2756	2913	3070
iPS:361236	5C2.008	1658	1815	1972	2129	2286	2443	2600	2757	2914	3071
iPS:359685	5C2.009	1659	1816	1973	2130	2287	2444	2601	2758	2915	3072
iPS:361240	5C2.010	1660	1817	1974	2131	2288	2445	2602	2759	2916	3073
iPS:361247	5C2.011	1661	1818	1975	2132	2289	2446	2603	2760	2917	3074
iPS:361254	5C2.012	1662	1819	1976	2133	2290	2447	2604	2761	2918	3075
iPS:361261	5C2.013	1663	1820	1977	2134	2291	2448	2605	2762	2919	3076
iPS:361268	5C2.014	1664	1821	1978	2135	2292	2449	2606	2763	2920	3077
iPS:359669	5C2.015	1665	1822	1979	2136	2293	2450	2607	2764	2921	3078
iPS:359678	5C2.016	1666	1823	1980	2137	2294	2451	2608	2765	2922	3079
iPS:361275	11C1.002	1667	1824	1981	2138	2295	2452	2609	2766	2923	3080
iPS:361282	11C1.003	1668	1825	1982	2139	2296	2453	2610	2767	2924	3081
iPS:361289	11C1.004	1669	1826	1983	2140	2297	2454	2611	2768	2925	3082
iPS:359712	11C1.005	1670	1827	1984	2141	2298	2455	2612	2769	2926	3083
iPS:361293	11C1.006	1671	1828	1985	2142	2299	2456	2613	2770	2927	3084
iPS:361297	11C1.007	1672	1829	1986	2143	2300	2457	2614	2771	2928	3085
iPS:361301	11C1.008	1673	1830	1987	2144	2301	2458	2615	2772	2929	3086
iPS:359703	11C1.009	1674	1831	1988	2145	2302	2459	2616	2773	2930	3087
iPS:361305	11C1.010	1675	1832	1989	2146	2303	2460	2617	2774	2931	3088
iPS:361312	13H12.002	1676	1833	1990	2147	2304	2461	2618	2775	2932	3089
iPS:359744	13H12.003	1677	1834	1991	2148	2305	2462	2619	2776	2933	3090

iPS:361319	13H12.004	1678	1835	1992	2149	2306	2463	2620	2777	2934	3091
iPS:359737	13H12.005	1679	1836	1993	2150	2307	2464	2621	2778	2935	3092
iPS:361326	13H12.006	1680	1837	1994	2151	2308	2465	2622	2779	2936	3093
iPS:361330	12H11.002	1681	1838	1995	2152	2309	2466	2623	2780	2937	3094
iPS:361337	12H11.003	1682	1839	1996	2153	2310	2467	2624	2781	2938	3095
iPS:361344	12H11.004	1683	1840	1997	2154	2311	2468	2625	2782	2939	3096
iPS:361351	12H11.005	1684	1841	1998	2155	2312	2469	2626	2783	2940	3097
iPS:361358	12H11.006	1685	1842	1999	2156	2313	2470	2627	2784	2941	3098
iPS:361365	12H11.007	1686	1843	2000	2157	2314	2471	2628	2785	2942	3099
iPS:361372	12H11.008	1687	1844	2001	2158	2315	2472	2629	2786	2943	3100
iPS:361379	12H11.009	1688	1845	2002	2159	2316	2473	2630	2787	2944	3101
iPS:361383	12H11.010	1689	1846	2003	2160	2317	2474	2631	2788	2945	3102
iPS:361387	12H11.011	1690	1847	2004	2161	2318	2475	2632	2789	2946	3103
iPS:361391	12H11.012	1691	1848	2005	2162	2319	2476	2633	2790	2947	3104
iPS:361395	12H11.013	1692	1849	2006	2163	2320	2477	2634	2791	2948	3105
iPS:361402	12H11.014	1693	1850	2007	2164	2321	2478	2635	2792	2949	3106
iPS:361406	2C2.005.001	1694	1851	2008	2165	2322	2479	2636	2793	2950	3107
iPS:361412	2C2.005.002	1695	1852	2009	2166	2323	2480	2637	2794	2951	3108
iPS:361418	2C2.005.003	1696	1853	2010	2167	2324	2481	2638	2795	2952	3109
iPS:361424	2C2.005.004	1697	1854	2011	2168	2325	2482	2639	2796	2953	3110
iPS:361430	2C2.005.005	1698	1855	2012	2169	2326	2483	2640	2797	2954	3111

iPS:361436	2C2.005.006	1699	1856	2013	2170	2327	2484	2641	2798	2955	3112
iPS:361442	2C2.005.007	1700	1857	2014	2171	2328	2485	2642	2799	2956	3113
iPS:361448	2C2.005.008	1701	1858	2015	2172	2329	2486	2643	2800	2957	3114
iPS:361454	2C2.005.009	1702	1859	2016	2173	2330	2487	2644	2801	2958	3115
iPS:361460	2C2.005.010	1703	1860	2017	2174	2331	2488	2645	2802	2959	3116
iPS:361466	2C2.005.011	1704	1861	2018	2175	2332	2489	2646	2803	2960	3117
iPS:361472	2C2.005.012	1705	1862	2019	2176	2333	2490	2647	2804	2961	3118
iPS:361478	2C2.005.013	1706	1863	2020	2177	2334	2491	2648	2805	2962	3119
iPS:361485	2C2.005.014	1707	1864	2021	2178	2335	2492	2649	2806	2963	3120
iPS:361845	18F2.013	1708	1865	2022	2179	2336	2493	2650	2807	2964	3121
iPS:361851	6H1.009	1709	1866	2023	2180	2337	2494	2651	2808	2965	3122
iPS:361855	2C2.005.015	1710	1867	2024	2181	2338	2495	2652	2809	2966	3123
iPS:336067	5G12.006	1711	1868	2025	2182	2339	2496	2653	2810	2967	3124
iPS:336169	17B11.002	1712	1869	2026	2183	2340	2497	2654	2811	2968	3125
iPS:361127	5G12.006.001	1713	1870	2027	2184	2341	2498	2655	2812	2969	3126
iPS:361136	5G12.006.002	1714	1871	2028	2185	2342	2499	2656	2813	2970	3127
iPS:361140	5G12.006.003	1715	1872	2029	2186	2343	2500	2657	2814	2971	3128
iPS:359919	5G12.006.004	1716	1873	2030	2187	2344	2501	2658	2815	2972	3129
iPS:361144	5G12.006.005	1717	1874	2031	2188	2345	2502	2659	2816	2973	3130
iPS:361151	5G12.006.006	1718	1875	2032	2189	2346	2503	2660	2817	2974	3131
iPS:361491	17B11.002.001	1719	1876	2033	2190	2347	2504	2661	2818	2975	3132

iPS:361499	17B11.002.002	1720	1877	2034	2191	2348	2505	2662	2819	2976	3133
iPS:361503	17B11.002.003	1721	1878	2035	2192	2349	2506	2663	2820	2977	3134
iPS:361507	17B11.002.004	1722	1879	2036	2193	2350	2507	2664	2821	2978	3135
iPS:361514	17B11.002.005	1723	1880	2037	2194	2351	2508	2665	2822	2979	3136
iPS:360582	17B11.002.006	1724	1881	2038	2195	2352	2509	2666	2823	2980	3137
iPS:361518	17B11.002.007	1725	1882	2039	2196	2353	2510	2667	2824	2981	3138
iPS:360570	17B11.002.008	1726	1883	2040	2197	2354	2511	2668	2825	2982	3139
iPS:362051	5G12.005.001	1727	1884	2041	2198	2355	2512	2669	2826	2983	3140

Bảng 3. Các vùng chuỗi nặng biến đổi và chuỗi nhẹ biến đổi được lấy làm ví dụ: Các trình tự axit nucleic ("NA") và axit amin ("AA")

iPSsố	**Ab**	**Loại**	**VL**	**VH**
iPS:336175	**2C2.005**	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGG
			TGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCT	GCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCC
			TGTTCTGGAAGTAGCTCCAACATCGGAAGTA	TCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTT
			ATACTGTAAACTGGTACCAGCACCTCCCAGG	CCGGATACACCTTCACCGGCTACTA
			AACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATACTAATA	TATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCT
			ATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATT	GGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGA
			CTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCC	TGGATCAACCCTAACAGTGGTGGCA
			TTGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGA	CAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGG
			GGCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATGACA	CAGGGTCACCATGACCAGGGACAC

		GCCTGAATGGTCCGGTATTCGGCGGAGGGAC	GTCCATCAGTACAGCCTACATGGAG
		CAAGCTGACCGTCCTAGGT	CTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGAC
			ACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG
			GGGGGGATTACGTTTGGGGGACTTA
			TCGGCCTCACTACTACGGTATG
			GACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
			GTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1571	SEQ ID NO: 1728
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNTV	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS
		NWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVPDRFSGSK	GYTFTGYYMHWVRQAPGQGLEWM
		SGTSASLAISGLQSEDEADYFCATFDDSLNGPVF	GWINPNSGGTNYAQKFQGRVTMTRD
		GGGTKLTVLG	TSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARG
			GDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGT
			TVTVSS
		SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 158
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG
		GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC	GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
		ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATT	TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
		ATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	CTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGG
		AGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGGTGCATCCA	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
		GTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGC	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA

		GGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCA
		CAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTACC
		CCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT
		ATCAAACGA
	SEQ ID NO: 1572	SEQ ID NO: 1729
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRDYLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
	WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	GFTFSNFGMHWVRQAPGKGLEWVA
AA	GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPG	VIWYDGSNENYADSVKGRFTISRDNS
	TKVDIKR	KNTLYLHMNSLRVADTAVYYCARD
		GTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 2	SEQ ID NO: 159
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG
	GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC	GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
NA	ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATT	TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
	ATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	CTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGG
	AGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGGTGCATCCA	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA

iPS:335938	6H1	

			GTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGC
			GGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCA
			CAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
			AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTACC
			CCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT
			ATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1573	SEQ ID NO: 1730
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRDYLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
		WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	GFTFSYFGMHWVRQAPGKGLEWVA
		GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPG	VIWYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNS
		TKVDIKR	KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG
			TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 3	SEQ ID NO: 160
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGG
		GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC	GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
		ACTTGCCAGGCGAGTCAGGACATTAGCAACT	TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
		ATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	CTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG

			AGCCCCTAAGCTCCTGATCTACGATGCATCCA
			ATTTGGAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAG
			TGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTAGTTTCA
			CCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGC
			AACATATTACTGTCAACAGTATGATAATTCTCC
			TCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGAT
			CAAGCGA
		SEQ ID NO: 1574	SEQ ID NO: 1731
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
		WYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGS	GFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVA
	AA	GTDFSFTISSLQPEDIATYYCQQYDILLTFGGGT	VIWYDGSNKYYADSVKGRFTISSDNS
		KVEIKR	KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
			TIFGVVLDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 4	SEQ ID NO: 161
		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGG
	NA	GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATC	CTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCT
		AACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCA	CAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTC

IPS:3 35978	13H1 2		
		NA	GCTCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTA
			CCAGCAGCAACCAGGACATCCTCCTCCTAAGCTG
			CTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
			GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCT
			GGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCT
			GCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTC
			AACAATATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGC
			CAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1575	SEQ ID NO: 1732
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSN
			NKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWASTRESGVPD
			RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYS
			TPWTFGQGTKVEIKR
		SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 162
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
			GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATC

			TGGATACACCTTCACCGGCTACTAT
			ATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTG
			GACAAGGGCTTGAGTGGATGGGGT
			GGATCAACCCTGACAGTGGTGGCAC
			AGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGC
			AGGTTCACCATGACCAGGGACACGT
			CCATCAGCACAGCCTACATGGAACT
			GAACAGGCTGAGATCTGACGACAC
			GGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAG
			GCCACGATTTTTGGAATGGTTATTG
			TACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGG
			AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1732	
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS
			GYTFTGYYIHWVRQAPGQGLEWMG
			WINPDSGGTDYSQRFQGRFTMTRDTS
			ISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREAT
			IFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 162	
			CAGGTGCCGGCTGGTGCAGTCTGGGG
			CTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCT

	AACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCA	CAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTC
	GCTCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTA	TGGATACACCTTCACCGGCTACTAT
	CCAGCAGAAACCAGGACATCCTCCTAAGCTG	ATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTG
	CTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG	GACAAGGACTTGAGTGGATGGGGT
	GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCT	GGATCAACCCTGACAGTGGTGGCAC
	GGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCT	AGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGC
	GCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTC	AGGTTCACCATGACCAGGGACACGT
	AACAATATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGC	CCATCAGCACAGCCTACATGGAACT
	CAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA	GAGCAGGCTGAGATCTGACGACAC
		GGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAG
		GCCACGATTTTTGGAATGGTTATTG
		TACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGG
		AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1576	SEQ ID NO: 1733
	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSN	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS
	NKNYIAWYQQKPGHPPKLLIYWASTRESGVPD	GYTFTGYYIHWVRQAPGQGLEWMG
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYS	WINPDSGGTDYSQRFQGRFTMTRDTS
AA	TPWTFGQGTKVEIKR	ISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAREAT
		IFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 6	SEQ ID NO: 163

		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT
			GTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATC
			AACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCA
			GCTCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTA
			CCAACAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACCTG
			CTCATTTACTGGACTTCTACCCGAGATTCCGG
			GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCT
			GGGACAGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCT
			GCAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTC
			AGCAATATTATCGTACTCCGTGGACGTTCGGC
			CAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1577
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVLSSSN
			NKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTSTRDSGVPD
			RFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYYCQQYYR
			TPWTFGQGTKVEIKR

		NA	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGG
			CTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCT
			CAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTC
			TGGATACACCTTCACCGGCTACTAT
			ATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTG
			GACAAGGGCTTGTGTGGATGGGGT
			GGATCAGCCCTAACAGTGGTGACAC
			AAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGAC
			AGGGTCACCATGACCAGGGACACG
			TCCATCAGCACAGCCTATATGGAGC
			TGAGCAGACTGAGATCTGACGACA
			CGGCCGTGTATTTCTGTACCGAGAGA
			GGCCACGATTTTTGGAATGCTTATT
			GTACCATTTGACTACTGGGGCCAGG
			GAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1734
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS
			GYTFTGYYIHWVRQAPGQGLVWMG
			WISPNSGDTSYAQKFQDRVTMTRDTS
			ISTAYMELSRLRSDDTAVYFCTREATI
			FGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS

iPS:335994		SEQ ID NO: 7	SEQ ID NO: 164
	12H11	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT GTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATC AACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCA GCTCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTA CCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACCTG CTCATTTACTGGACTTCTACCCGAGATTCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCT GGGACAGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCT GCAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTC AGCAATATTATCGTACTCCGTGGACGTTCGGC CAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1578	SEQ ID NO: 1735
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVLSSSN NKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTSTRDSGVPD RFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYYCQQYYR TPWTFGQGTKVEIKR
			SISTAYMELSRLRSDDTAVYYCTREA WISPNNGDTNYAQKFQDRVTMTRDT GYTFTGYYIHWVRQAPGQGLEWMG QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA TGTACCATTTGACTACTGGGGCCAG AGGCCACGATTTTTGGAATGCTTAT ACGGCCGTGTATTACTGTACGAGAG CTGAGCAGGCTGAGATCTGACGAC GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAG CAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GGATAAGCCCTAACAATGGTGACA CAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGA GACAAGGGCTTGAGTGGATGGGGT ATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTG CAGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTC CTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCT CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGG

			TIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 8	SEQ ID NO: 165
		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCT	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGC
		GTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCT	CCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGA
		CCTGCAGGGCCAGTCAGAGTATTAGTTACAG	CCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCTCT
		TTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGC	GGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTT
		CAGGCTCCCCGGCTCCTCATCTATGGTGCATC	ACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCA
		CAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTC	CCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGAT
		AGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTC	TGGGTACATCTATTACAGTGGGAGC
		TCACCATCAGCAGACAGGAGCCTGATGATTT	ACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGA
NA		TGCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTAGTT	GTCGAGTTACCATATCAGTAGACAC
		CACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT	GTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
		GGAGATCAAACGA	CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACA
			CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGA
			TCGTATTACGATTTTTGGAGTGGTT
			ATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGG
			GGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT
			CCTCA
		SEQ ID NO: 1579	SEQ ID NO: 1736
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISYSYLA	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSG
		WYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGS	DSISSGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGY

			GTDFTLTISRQEPDDFAVYYCQQYGSSPLTFGG GTKVEIKR
			SEQ ID NO: 9
		NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCC TGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCT CTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGC AACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCC AGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCC ACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAGGGTCA GTGGCAGTGGGTCTGGGACAGAGTTCACTCT CACCATCAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTG CAGTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTGG CCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGG AGATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1580
		AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLA
			IYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQ FSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFG VVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
			SEQ ID NO: 166
			CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCAT CTGGATTCACCTTCAGTAACTATGG CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA GGCGAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA GCTATATGGTTTGATGGAAGTGATA AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGG CCGATTCACCATCTCCAGAGACAAC TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAA TGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA CGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGA TCAGGCGATTTTTGGAGTGGTCCCC GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG GTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1737
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
		2G10_LC1	
		iPS:336041	

		WYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIPARVSGSGS
		GTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPLTFGG
		GTKVEIKR
		SEQ ID NO: 10
	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT
		GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC
		ACTTGCCGGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATG
		AGTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA
		AGCCCCTAAACGCCTGATCTATGGTGCATCCA
		GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAG
		CGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTC
		ACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
		TAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTTAC
		CCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGG
		ATGTCAAACGA
		SEQ ID NO: 1581
		GFTFSNYGMHWVRQAPGEGLEWVA
		AIWFDGSDKYYADSVKGRFTISRDNS
		KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQ
		AIFGVVPDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 167
		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG
		GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
		TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
		CTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGG
		CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
		GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA
		GTTATATGGTATGATGGAAGTAATA
		AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGG
		CCGCTTCACCATCTCCAGAGACAAT
		TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAA
		TGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGA
		TGGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTG
		GGGGACTACTGGGGCCAGGGAACC
		CTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1738

		iPS:336088
		6A5.004
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNELG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
	WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	GFTFSYFGMHWVRQAPGKGLEWVA
	GTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQHNSYPFTFGPG	VIWYDGSNKYYADSVKGRFTISRDNS
	TKVDVKR	KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG
		TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 11	SEQ ID NO: 168
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG
	GTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGTCACCATC	GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
	ACTTGCCAGGCGAGTCAGGACATTACCAACT	TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
	ATTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	CTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGG
	AGCCCCTAAACTCCTGATCTACGATGCTTCCA	CATGCACTGGGTCCGCCAGCCTCCA
	ATTTGGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTTCAG	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA
	TGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTTTCA	GCTATATGGTATGATGGAAAATAATA
	CCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGC	AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGG
	AACATATTACTGTCAACAGTATGATGATCTAT	CCGATTCACCATCTCCAGAGACAGT
	TCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATC	TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAA
	AAACGA	TGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGA
		TCGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTT
		GAGTACCTCGGCCAGGGAACCCTG
		GTCACCGTCTCCTCA

			SEQ ID NO: 1739
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDITNYLN WYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVPSRFSGSGS GTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQYDDLFTFGPGT KVDIKR	SEQ ID NO: 1582
			SEQ ID NO: 169
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC ACTTGTCGGGCGAGTCAGGGTCTTATCATCTG GTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCGGGGAAA GCCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAG TTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGC GGCAGTGGCTCTGGGACAGATTTCACTCTCAC CATCAGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCA ACTTACTATTGTCAACAGACTAACAGTTTCCC TCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA	SEQ ID NO: 12
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS GFSFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAA IWYDGNNKYYADSVKGRFTISRDSSK NTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRT IFGVVLEYLGQGTLVTVSS	SEQ ID NO: 1739
			CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGC CCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAG ACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCT CTCAGGGCTCCATCAGTAGTTACTA CTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCCGCC GGGAAGGGACTAGAGTGGATTGGC CGTATCTATACCAGTGGGAGCACCA ACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCG AGTCACCATGTCAATAGACACGTCC AAGAACCAGTTCTCCCTGAAACTGA ACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGC CGTGTATTACTGTGCGAGAGATGTA GCAGTGGCTGGCTTTGACTACTGGG	

		GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC CTCA
	SEQ ID NO: 1583	SEQ ID NO: 1740
AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGLIIWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNSFPPTFGQG TKVEIKR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSQ GSISSYYWSWIRQPAGKGLEWIGRIY TSGSTNYNPSLKSRVTMSIDTSKNQFS LKLNSVTAADTAVYYCARDVAVAGF DYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 13	SEQ ID NO: 170
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC ACTTGTCGGGCGAGTCAGGGTCTTATCATCTG GTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCGGGGAAA GCCCCTAAACTCCTGATCTATGCTGCATCCAG TTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGC GGCAGTGGCTCTGGGACAGATTTCACTCTCAC CATCAGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCA ACTTACTATTGTCAACAGACTAACAGTTTCCC TCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGC CCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAG ACCCTGTCCCTCACCTGCACTGTCT CTGGGGGCTCCATCAGTAGTTACTA CTGGAGCTGGATCCGGCAGCCCGCC GGGAAGGGACTAGAGTGGATTGGC CGTATCTATACCAGTGGGAGCACCA ACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCG AGTCACCATGTCAATAGACACGTCC AAGAACCAGTTCTCCCTGAAACTGA ACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGC CGTGTATTACTGTGCGAGAGATGTA

			GCAGTGGCTGGCTTTGACTACTGGG GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC CTCA
		SEQ ID NO: 1584	SEQ ID NO: 1741
	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGLIIWLA WYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGS GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQTNSFPPTFGQG TKVEIKR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSG GSISSYYWSWIRQPAGKGLEWIGRIY TSGSTNYNPSLKSRVTMSIDTSKNQFS LKLNSVTAADTAVYYCARDVAVAGF DYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 14	SEQ ID NO: 171
	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC ACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATG AGTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA AGCCCCTAAACTCCTGATCTATGGTGCATCCA GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAG CGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTC ACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG TAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTTAC CCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGTGG ATGTCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT CTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGG CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA GTTATATGGTGATGCAAGTAATA AATACTATGCAGACGCCGTGAAGG GCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAA TTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAA ATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC

			ACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAG
			ATGGGACGATTTTTGGAGTGCTCTT
			GGGGGACTACTGGGGCCAGGGAAC
			CCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1585	SEQ ID NO: 1742
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNELG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
		WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	GFTFSYFGMHWVRQAPGKGLEWVA
	AA	GTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQHNSYPFTFGQG	VIWYDASNKYYADAVKGRFTISRDN
		TKVDVKR	SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARD
			GTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 15	SEQ ID NO: 172
		GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGG
		GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATC	GGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGG
		ACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATG	TCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGT
		AGTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	CTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGG
	NA	AGCCCCTAAACTCCTGATCTATGGTGCATCCA	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
		GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAG	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCA
		CGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTC	GTTATATGGTATGATGCAAGTAATA
		ACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG	AATACTATGCAGACTCCGTGAAGGG
		TAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTTAC	CCGCTTCACCATCTCCAGAGACAAT
		CCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGTGG	TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAA

	ATGTCAAACGA	TGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CGGCTGTGTATTACTGTGGCGCGAGA
		TGGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTG
		GGGGACTACTGGGGCCAGGGAACC
		CTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1586	SEQ ID NO: 1743
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNELG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS
	WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	GFTFSYFGMHWVRQAPGKGLEWVA
	GTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQHNSYPFTFGQG	VIWYDASNKYYADSVKGRFTISRDNS
	TKVDVKR	KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG
		TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 16	SEQ ID NO: 173

IPS:360936		
4H9.004.003		
NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAG	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
	TCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGG	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
	GCATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATC	TCAGTTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGC
	AGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAA	CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
	CTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTTGC	TGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAAT
	AAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCG	AAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
	GCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTC	GCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
	TCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAG	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
	ATTTTGTAACTTATTACTGTCTACAGCA	GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
	TAATAGTTACCCATTCACTTTCGGCCAA	TGTGCGCGAGATGGGACGATTTTTGGAGT
	GGGACCAAAGTGGATGTCAAACGA	GCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGA
	SEQ ID NO: 1587	ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1744
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
	NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGV	YFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNK
	PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYC	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
	LQHNSYPFTFGQGTKVDVKR	AEDTAVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTL

iPS:360943			VTVSS
4H9.004.004		SEQ ID NO: 17	SEQ ID NO: 174
	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAG	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		TCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGG	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
		GCATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATC	TCAGTTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGC
		AGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAA	CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
		CTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTTGC	TGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAAT
		AAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCG	AAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		GCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTC	GCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
		TCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAG	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		ATTTTGTAACTTATTACTGTCTACAGCA	GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
		TAATAGTTACCCATTCACTTTCGGCCCT	TGTGCGCGAGATGGGACGATTTTTGGAGT
		GGGACCAAAGTGGATGTCAAACGA	GCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGA
			ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1588	SEQ ID NO: 1745
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGV	YFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNK
		PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYC	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
		LQHNSYPFTFGPGTKVDVKR	AEDTAVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTL
			VTVSS

iPS:360949		SEQ ID NO: 18	SEQ ID NO: 175
4H9.004.005	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCA	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC
		CCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATT	TCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCA
		AGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGCAGA	GTTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAG
		AACCAGGGAAAGCCCCTAAACGCCTGAT	GCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGC
		CTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGG	AGTTATATGGTATGATGCAAGTAATAAAT
		TCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCT	ACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
		GGGACAGAGTTCACTCTCACAATCAGCA	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
		GCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTAACTTAT	GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
		TACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATT	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCG
		CACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGTGGAT	CGAGATGGGACGATTTTTGGAGTGCTCTT
		GTCAAACGA	GGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
			TCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1589	SEQ ID NO: 1746
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		ELGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSR	YFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNK
		FSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQHN	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRA
		SYPFTFGQGTKVDVKR	EDTAVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTLV

			TVSS
		SEQ ID NO: 19	SEQ ID NO: 176
iPS:359761	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCA	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGAC
		CCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATT	TCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCA
		AGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGCAGA	GTTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAG
		AACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCTGAT	GCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGC
		CTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGG	AGTTATATGGTATGATGCAAGTAATAAAT
		TCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCT	ACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
		GGGACAGAGTTCACTCTCACAATCAGCA	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
		GCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTAACTTAT	GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
		TACTGTCTACAGCATAATAGTTACCCATT	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCG
		CACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGTGGAT	CGAGATAGGACGATTTTTGGAGTGCTCTT
		GTCAAACGA	GGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
			TCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1590	SEQ ID NO: 1747
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		ELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSR	YFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNK
		FSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQHN	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRA
		SYPFTFGQGTKVDVKR	EDTAVYYCARDRTIFGVLLGDYWGQGTLVT
			VSS
4H9.004.006			

IPS:360955		SEQ ID NO: 20	SEQ ID NO: 177
4B1.010	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		CTCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACA	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		GAGTCACCATCACTTGCCGGGGCAAGT	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT
		CAGGACATTAGAGATTATTTAGGCTG	TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCGC
		GTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCC	CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
		CCTAAGCTCCTGATCTATGGTGCATC	TGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAAT
		CAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAA	GAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		GGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAC	GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
		AGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCC	AATACGGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		TGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTAT	GAGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATT
		TACTGTCTACAGCATAATAATTACCC	GTGCGCGAGATGGGACGATCTTTGGAGT
		CTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAG	GGTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGA
		TGGATATCAAACGA	ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1591	SEQ ID NO: 1748
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		RDYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQ	NFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNE
		SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFA	NYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
		TYYCLQHNNYPFTFGQGTKVDIKR	VADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGT

			LVTVSS
		SEQ ID NO: 21	SEQ ID NO: 178
iPS:360962	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		CTCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACA	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		GAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGT	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT
		CAGGACATTAGAGATTATTTAGGCTG	TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCGC
		GTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCC	CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
		CCTAAGCGCCTGATCTATGGTGCATC	TGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAAT
		CAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAA	GAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		GGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGAC	GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
		AGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCC	AATACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		TGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTAT	GAGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATT
		TACTGTCTACAGCATAATAATTACCC	GTGCGCGAGATGGGACGATCTTTGGAGT
		CTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAG	GGTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGA
		TGGATATCAAACGA	ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1592	SEQ ID NO: 1749
4B1.011	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		RDYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQ	NFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNE
		SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFA	NYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
		TYYCLQHNNYPFTFGQGTKVDIKR	VADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGT
			LVTVSS

iPS:360968			
4B1.012			
	NA	SEQ ID NO: 22	SEQ ID NO: 179
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTT
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	GGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCA
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC	AGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTAT
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	GATGCAAGTAATGAAAACTATGCAGACGCCG
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	TGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAAT
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	TCCAAGAATACGCTGTATCTGCAAATGAACAG
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	CCTGAGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATT
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	GTGCGCGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTC
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA	TTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
		AAGTGGATATCAAAACGA	TCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1593	SEQ ID NO: 1750
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFG
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADA
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVADTAVYY
		HNNYPFTFGPGTKVDIKR	CARDGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 23	SEQ ID NO: 180

		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT
		TACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCA
		AAGTGGATATCAAAACGA
		SEQ ID NO: 1594
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ
		HNNYPFTFGQGTKVDIKR

		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
		TGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTT
		GGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCA
		AGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTAT
		GATGCAAGTAATGAAAACTATGCAGACTCCGT
		GAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATT
		CCAAGAATACGCTGTATCTGCACATGAACAGC
		CTGAGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATTG
		TGCGCGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCT
		TGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGT
		CACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1751
		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFG
		MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADSV
		KGRFTISRDNSKNTLYLHMNSLRVADTAVYYC
		ARDGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS

iPS:360978			
4B1.014			
	NA	SEQ ID NO: 24	SEQ ID NO: 181
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAA
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TGGTATGATGGAAGTAATGAAAACTATGCA
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCA
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	GAGACAATTCCAAGAATACGCTGTATCTGCA
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	CATGAACAGCCTGAGAGTCGCGGACACGGC
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTA	TGTGTATTATTGTGCGCGAGATGGGACGATC
		CCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAA	TTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC
		GTGGATATCAAACGA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1595	SEQ ID NO: 1752
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNF
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYA
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	DAVKGRFTISRDNSKNTLYLHMNSLRVADTA
		NNYPFTFGQGTKVDIKR	VYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 25	SEQ ID NO: 182

jPS:359785		
4B1.015		
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT
	CACCATCACTTGCCGGGGCAAGTCAGGAC	CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAA
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TGGTATGATGCAAGTAATGAAAAACTATGCA
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCA
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	GAGACAATTCCAAGAATACGCTGTATCTGCA
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	AATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGC
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTA	TGTGTATTATTGTGCGCGAGATAGGACGATC
	CCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAA	TTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC
	GTGGATATCAAACGA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1596	SEQ ID NO: 1753
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNF
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYA
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	DAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVEDTAV
	NNYPFTFGQGTKVDIKR	YYCARDRTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS

iPS:360982			
4B1.016			
	NA	SEQ ID NO: 26	SEQ ID NO: 183
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTC
		TCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGA	CAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG
		GTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAG	TCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCATGCACTGGG
		GACATTAGAGATTATTTAGGCTGGTAT	TCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGG
		CAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA	CAGTTATATGGTATGATGCAAGTAATGAAAACTATG
		GCTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTTG	CAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAG
		CAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGC	ACAATTCCAAGAATACGCTGTATCTGCAAATGAACA
		GGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACT	GCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTG
		CTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAA	CGCGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGG
		GATTTCGCAACTTATTACTGTCTACAGC	ACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCT
		ATAATAATTACCCCTTCACTTTCGGCCA	CA
		AGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1597	SEQ ID NO: 1754
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMHWV
		DYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGV	RQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRFTISRD
		PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYC	NSKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGTIFGVVLGDY
		LQHNNYPFTFGQGTKVDIKR	WGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 27	SEQ ID NO: 184

		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC
		TCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGA
		GTCACCATCACTTGCCGGGGCAAGTCAG
		GACCTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATC
		ACCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGC
		GCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCA
		AAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGG
		CAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCT
		CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGA
		TTTCGCAACTTATTACTGTCTACAGCAT
		AATAATTACCCCTTCACTTTCGGCCCTG
		GGACCAAAGTGGATATCAAACGA
iPS:335922	18F2	SEQ ID NO: 1598
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR
		NYLGWYHQKPGKAPKRLIYGASSLQSGV
		PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYC
		LQHNNYPFTFGPGTKVDIKR

		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTC
		CAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCG
		TCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCATGCACTGGG
		TCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTG
		GCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAATGAAAACTAT
		GCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGA
		GACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCACATGAAC
		AGCCTGAGAGCCGCGGACACGGCTGTGTATTACTGT
		GCGAGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGG
		GACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCC
		TCA
		SEQ ID NO: 1755
		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMHWV
		RQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYADSVKGRFTISRDN
		SKNTLYLHMNSLRAADTAVYYCARDGTIFGVVLGDY
		WGQGTLVTVSS

iPS:360986		SEQ ID NO: 28	SEQ ID NO: 185
18F2.002	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC CCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCA CCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTT AGAAATTATTTAGGCTGGTATCAACAGAA ACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCT ATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTC CCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGG GACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCC TGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTATTAC TGTCTACAGCATAATAATTACCCCTTCAC TTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCA AACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCG CCAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGG GTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTA ATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGG CCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACA GCCTGAGAGGCCGCGGACACGGCTGTGTA TTACTGTGCGAGAGATGGGACGATCTTT GGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1599	SEQ ID NO: 1756
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRN YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSR FSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHN NYPFTFGPGTKVDIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF SNFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDAS NENYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNS LRAADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQ

			GTLVTVSS
		SEQ ID NO: 29	SEQ ID NO: 186
iPS:360995	18F2.003	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC CCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCA CCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTT AGAAATTATTTAGGCTGGTATCAACAGAA ACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCT ATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTC CCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGG GACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCC TGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTATTAC TGTCTACAGCATAAATAATTACCCCTTCAC TTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCA AACGA
		SEQ ID NO: 1600	SEQ ID NO: 1757
		AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRN YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSR FSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHN NYPFTFGPGTKVDIKR

iPS:360999			
18F2.004			
	NA	SEQ ID NO: 30	SEQ ID NO: 187
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		CACCATCACTTGCCGGGGCAAGTCAGGAC	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCACC	TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC	CCAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGG
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	GTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTA
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	ATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGG
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	CCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACA
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	GCCTGAGAGGCCGCGGACACGGCTGTGTA
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA	TTACTGTGCGAGAGATGGGACGATCTTT
		AAGTGGATATCAAACGA	GGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC
			AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1601	SEQ ID NO: 1758
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
		NYLGWYHQKPGKAPKLLIYGASSLQSGV	SNFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDAS
		PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCL	NENYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNS
		QHNNYPFTFGPGTKVDIKR	LRAADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQ

			GTLVTVSS
		SEQ ID NO: 31	SEQ ID NO: 188
iPS:361005	18F2.005	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA AAGTGGATATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1602	SEQ ID NO: 1759
		AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR NYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGV PSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCL QHNNYPFTFGPGTKVDIKR
			GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCG CCAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGG GTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTA ATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGG CCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACA GCCTGAGAGCCGCGGACACGGCTGTGTA TTACTGTGCGAGAGATGGGACGATCTTT GGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			LRAADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQ GTLVTVSS

IPS:361009		SEQ ID NO: 32	SEQ ID NO: 189
18F2.006	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
		TCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGA	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT
		GTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAG	CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAA
		GACCTTAGAAATTATTTAGGCTGGTAT	CTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCCCCA
		CAACAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA
		GCGCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTT	TGGTATGATGCAAGTAATGAAAACTATGCA
		GCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAG	GACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCA
		CGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCA	GAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCA
		CTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTG	CATGAACAGCCTGAGAGCCGCGGACACGGC
		AAGATTTCGCAACTTATTACTGTCTAC	TGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGACGATC
		AGCATAATAATTACCCCTTCACTTTCG	TTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC
		GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		CGA	
	AA	SEQ ID NO: 1603	SEQ ID NO: 1760
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNF
		RNYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQS	GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYA
		GVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATY	DAVKGRFTISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTA
		YCLQHNNYPFTFGPGTKVDIKR	VYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS

		SEQ ID NO: 33	SEQ ID NO: 190
IPS:361013	18F2.007	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC TCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGA GTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAG GACCTTAGAAATTATTTAGGCTGGTAT CACCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA GCTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAG CGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCA CTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTG AAGATTTCGCAACTTATTACTGTCTAC AGCATAATTACCCCTTCACTTTCG GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAA CTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCCCCA GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA TGGTATGATGCAAGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCA GAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCA CATGAACAGCCTGAGAGCCGCGGACACGGC TGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGACGATC TTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCC AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1604	SEQ ID NO: 1761
		AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDL RNYLGWYHQKPGKAPKLLIYGASSLQS GVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATY YCLQHNNYPFTFGPGTKVDIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNF GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYA DAVKGRFTISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTA VYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS

iPS:361017			
18F2.008			
	NA	SEQ ID NO: 34	SEQ ID NO: 191
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCAC	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
		CATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTTA	GCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCA
		GAAATTATTTAGGCTGGTATCACCAGAAA	TGCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGC
		CCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTA	TGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAA
		TGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCC	GTAATGAAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		CTTCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGG	GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
		ACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCCT	CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCG
		GCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTATTACTG	CGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATG
		TCTACAGCATAAATAATTACCCCTTCACTTT	GGACGATCTCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACT
		CGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAAC	GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		GA	GA
	AA	SEQ ID NO: 1605	SEQ ID NO: 1762
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRNY	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM
		LGWYHQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKG
		GSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNY	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDG
		PFTFGPGTKVDIKR	TIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 35	SEQ ID NO: 192

iPS:361021		
18F2.009		
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCAC	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
	CATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTTA	GCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCA
	GAAATTATTTAGGCTGGTATCAACAGAAA	TGCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGC
	CCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTA	TGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAA
	TGGTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCC	GTAATGAAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
	CTTCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGG	GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
	ACAGAATTCACTCTCACAATCAGCAGCCT	CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCG
	GCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTATTACTG	CGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATG
	TCTACAGCATAATAATTACCCCTTCACTTT	GGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACT
	CGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAAC	GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	GA	GA
	SEQ ID NO: 1606	SEQ ID NO: 1763
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRNY	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM
	LGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYADAVKG
	GSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNY	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDG
	PFTFGPGTKVDIKR	TIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS

6	IPS:361028	18F2.010	2.
N	SEQ ID NO: 36		SEQ ID NO: 193
N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTTAGAAATT ATTTAGGCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAA AGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGGTGCATCCA GTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAG CGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTC ACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCG CAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTAC CCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGG ATATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT AATGAAAACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGA TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGCGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGAC GATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGC CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
A A	SEQ ID NO: 1607	SEQ ID NO: 1764	
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRNYLG WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPG TKVDIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF GVVLGDYWGQGTLVTVSS	
	SEQ ID NO: 37	SEQ ID NO: 194	
N	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG	

	A	GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC
		ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACCTTAGAAATT
		ATTTAGGCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAA
		AGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGGTGCATCCA
		GTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAG
		CGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTC
		ACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCG
		CAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTAC
		CCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGTGG
		ATATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1608
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRNYLG
	A	WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS
	A	GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGQG
		TKVDIKR

		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
		GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT
		GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT
		AATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGA
		TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
		TGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
		ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGGAC
		GATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGC
		CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1765
		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	A	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	A	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIF
		GVVLGDYWGQGTLVTVSS

IPS:361035		SEQ ID NO: 38	SEQ ID NO: 195
18F2.012	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		TCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATCAC	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		TTGCCGGGCAAGTCAGGACCTTAGAAATTATT	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACTT
		TAGGCTGGTATCAACAGAAACCAGGGAAAGCC	TCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTCCGC
		CCTAAGCTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTTG	CAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
		CAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAG	TGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAAT
		TGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAATCA	GAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		GCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCAACTTATT	GATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
		ACTGTCTACAGCATAATAATTACCCCTTCACTT	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		TCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA	GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGATGGGACGATCTTTGGAGT
			GGTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGA
			ACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1609	SEQ ID NO: 1766
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLRNYLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		WYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPSRFSGSGSG	NFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNE
		TEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPGTK	NYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
		VDIKR	AEDTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQGTL

iPS:359940			VTVSS
2F11.002		SEQ ID NO: 39	SEQ ID NO: 196
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTG TCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCAC TTGCCAGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTATT TAAATTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCC CCTAAGCTCCTGATCTACGATGCATCCAATTTG GAAACAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAG TGGATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACCATCAG CAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACATATT ACTGTCAACAGTATGATATTCTCCTCACTTTCG GCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAGCGA	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAG GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT TCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCCGC CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG TGGCAGTTATATGGTATGATGGCAAGTAAT AAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC GATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAG AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC TGTGCGAGAGATAGGACGATTTTTGGAGT GGTTCTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCC TGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1610	SEQ ID NO: 1767
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISNYLN WYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPSRFSGSGSG TDFSLTISSLQPEDFATYYCQQYDILLTFGGGTKV EIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS SYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNK YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR AEDTAVYYCARDRTIFGVVLDYWGQGTLV TVSS

IPS:361039		SEQ ID NO: 40	SEQ ID NO: 197
	2F11.003	N	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
			ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC
			TGATCTACGATGCATCCAATTTGGAAAC
			AGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAG
			TGGATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACC
			ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
			CAACATATTACTGTCAACAGTATGATAT
			TCTCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAG
			GTGGAGATCAAGCGA
			SEQ ID NO: 1611
		A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS
			NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV
		A	PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ
			QYDILLTFGGGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 41
			SEQ ID NO: 198
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYG
			MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADA
			VKGRFTISSDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY
			CARDRTIFGVVLDYWGQGTLVTVSS

IPS:361049			
2F11.005			
	N A	SEQ ID NO: 42	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG GATCTGGGACAGATTTTAGTTTCACCATC AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAA CATATTACTGTCAACAGTATGATATTCTC CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGG AGATCAAGCGA
		SEQ ID NO: 1613	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISN YLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPS RFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDFATYYCQQY
	A A	SEQ ID NO: 199	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGA GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTG AGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCA CCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGG TCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG CAAGTAATAAATACTATGCAGACGCCG TGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGGG ACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGC AAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC ACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT AGGACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACT ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG TCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1770	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFT FSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD ASNKYYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQ

			DILLTFGGGTKVEIKR
			MNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLDY
			WGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 43
		N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
			ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
			GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA
			GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
			GATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACCATC
			AGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAA
			CATATTACTGTCAACAGTATGATATTCTC
			CTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGG
			AGATCAAGCGA
			SEQ ID NO: 1614
		A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISN
			YLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPS
			RFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDIATYYCQQY
			SEQ ID NO: 200
			CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGA
			GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTG
			AGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCA
			CCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGG
			TCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
			AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG
			CAAGTAATAAATACTATGCAGACGCCG
			TGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGCG
			ACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGC
			AAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
			ACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
			AGGACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACT
			ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
			TCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1771
		A A	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFT
			FSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYD
			ASNKYYADAVKGRFTISSDNSKNTLYLQ

		DILLTFGGGTKVEIKR	MNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLDY WGQGTLVTVSS

iPS:361059		SEQ ID NO: 44	SEQ ID NO: 201
2F11.007	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCA	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTC
		CCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGACATT	CTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCT
		AGCAACTATTTAAATTGGTATCAGCAGAA	ATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGG
		ACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCT	CAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGG
		ACGATGCATCCAATTTGGAAACAGGGGT	TATGATGCAAGTAATAAATACTATGCAGACG
		CCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTGGATCTG	CCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGCGA
		GGACAGATTTTAGTTTCACCATCAGCAGC	CAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATG
		CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACATATTA	AACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGT
		CTGTCAACAGTATGATATTCTCCTCACTTT	ATTACTGTGTGCGAGAGATAGGACGATTTTTGG
		CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAG	AGTGGTTCTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
		CGA	CTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1615	SEQ ID NO: 1772
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYG
		YLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPS	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADA
		RFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDFATYYCQQY	VKGRFTISSDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY
		DILLTFGGGTKVEIKR	CARDRTIFGVVLDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 45	SEQ ID NO: 202

iPS:361063			
2F11.008			
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
	CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCA	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTC
	CCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGACATT	CTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCT
	AGCAACTATTTAAATTGGTATCAGCAGAA	ATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGG
	ACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCT	CAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGG
	ACGATGCATCCAATTTGGAAACAGGGGT	TATGATGCAAGTAATAAATACTATGCAGACG
	CCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTGGATCTG	CCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGGGA
	GGACAGATTTTAGTTTCACCATCAGCAGC	CAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATG
	CTGCAGCCTGAAGATATTGCAACATATTA	AACAGCCTGAGAGGCCGAGGACACGGCTGTGT
	CTGTCAACAGTATGATATTCTCCTCACTTT	ATTACTGTGCGAGAGATAGGACGATTTTTGG
	CGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAG	AGTGGTTCTTGACTACTGGGGCCAGGGAACC
	CGA	CTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1616	SEQ ID NO: 1773
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDISN	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYG
	YLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGVPS	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADA
	RFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDIATYYCQQY	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY
	DILLTFGGGTKVEIKR	CARDRTIFGVVLDYWGQGTLVTVSS

iPS:359949		SEQ ID NO: 46	SEQ ID NO: 203
2F11.009	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAG
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	CTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC	GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA
		TGATCTACGATGCATCCAATTTGGAAAC	TGGTATGATGCAAGTAAATAAATACTATGCAG
		AGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAG	ACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAG
		TGGATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACC	GGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAA
		ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG	ATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT
		CAACATATTACTGTCAACAGTATGATAT	GTGTATTACTGTGCGAGAGATAGGACGATTT
		TCTCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAG	TTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGCCAGGG
		GTGGAGATCAAGCGA	AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1617	SEQ ID NO: 1774
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSY
		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYA
		PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ	DSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV
		QYDILLTFGGGTKVEIKR	YYCARDRTIFGVVLDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 47	SEQ ID NO: 204

iPS:359956	2F11.010		
		NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
			ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC
			TGATCTACGATGCATCCAATTTGGAAAC
			AGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAG
			TGGATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACC
			ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
			CAACATATTACTGTCAACAGTATGATAT
			TCTCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAG
			GTGGAGATCAAGCGA
			SEQ ID NO: 1618
		AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS
			NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV
			PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ
			QYDILLTFGGGTKVEIKR
		NA	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
			GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT
			CCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAG
			CTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
			GGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATA
			TGGTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAG
			ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAG
			GGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAA
			ATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT
			GTGTATTACTGTGCGAGAGATAGGACGATTT
			TTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGCCAGGG
			AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1775
		AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSY
			GMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYA
			DAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAV
			YYCARDRTIFGVVLDYWGQGTLVTVSS

iPS:359865		SEQ ID NO: 48	SEQ ID NO: 205
6H1.002	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
		ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATT	TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTT
		ATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	GGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCA
		AGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGGTGCATCC	AGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTAT
		AGTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCA	GATGCAAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGT
		GCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCT	GAAGGGCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAATT
		CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTC	CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAG
		GCAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTA	CCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACT
		CCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGG	GTGCGCGAGATGGGACGATTTTTGGAGTGCTC
		ATATCAAACGA	TTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
			TCACCGTCTCCTCA
	A A	SEQ ID NO: 1619	SEQ ID NO: 1776
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRDYLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFG
		WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADA
		GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPG	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYC
		TKVDIKR	ARDGTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 49	SEQ ID NO: 206

	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
	GTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACCATC	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
	ACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATT	TGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTT
	ATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAA	GGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCA
	AGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGGTGCATCC	AGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTAT
	AGTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCA	GATGCAAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGT
N	GCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCT	GAAGGGCCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAATT
A	CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTC	CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAG
	GCAACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATTA	CCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACT
	CCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGG	GTGCGCGAGATAGGACGATTTTTGGAGTGCTC
	ATATCAAACGA	TTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
		TCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1620	SEQ ID NO: 1777
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRDYLG	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFG
A	WYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSGSGS	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADA
A	GTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPFTFGPG	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYC
	TKVDIKR	ARDRTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS

IPS:359873			
6H1.004			
NA	SEQ ID NO: 50	SEQ ID NO: 207	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
			GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT
			GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCA
			TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGC
			TGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAA
			GTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
			GCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA
			CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCG
			AGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATG
			GGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTG
			GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1621	SEQ ID NO: 1778	
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGM	
	DYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSG	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG	
	VPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYY	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG	
	CLQHNNYPFTFGQGTKVDIKR	TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS	

IPS:359877			
6H1.005			
	NA	SEQ ID NO: 51	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC TCCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGA GTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAG GACATTAGAGATTATTTAGGCTGGTAT CAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA GCTCCTGATCTATGGTGCATCCAGTTT GCAAAGTGGGGTCCCTTCAAGGTTCAG CGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCA CTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTG AAGATTTCGCAACTTATTACTGTCTAC AGCATAATAATTACCCCTTCACTTTCG GCCAAGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA
	AA	SEQ ID NO: 1622	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIR DYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSG VPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYY CLQHNNYPFTFGQGTKVDIKR
		SEQ ID NO: 208	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGT GCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCA TGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGC TGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAA GTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC GCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACA CGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCG AGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATA GGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTG GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1779	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS

IPS:361067			
6H1.006			
	NA	SEQ ID NO: 52	SEQ ID NO: 209
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	TTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC	TCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAG
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	TTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACT
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	ATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTCACCA
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGAT
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA	GGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGAC
		AAGTGGATATCAAACGA	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTC
			TCCTCA
		SEQ ID NO: 1623	SEQ ID NO: 1780
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSY
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	FGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYY
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	ADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDT
		HNNYPFTFGPGTKVDIKR	AVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS

		SEQ ID NO: 53	SEQ ID NO: 210
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGAGG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	TTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC	TCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAG
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	TTATATGGTATGATGCAAGTAATAAATACT
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	ATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTCACCA
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGAT
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA	GGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGAC
		AAGTGGATATCAAACGA	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTC
			TCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1624	SEQ ID NO: 1781
		DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSY
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	FGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYY
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	ADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDT
		HNNYPFTFGPGTKVDIKR	AVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 54	SEQ ID NO: 211
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG

iPS:36107 9	6A5.004.0 01	
	NA	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCC
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAAATAAT
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA
		AAGTGGATATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1625
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ
		HNNYPFTFGPGTKVDIKR
		SEQ ID NO: 55
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
		CGTGGTCCAGCCTGGGAGGGTCCCTGAGACT
		CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAG
		TTACTTTGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGC
		TCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAG
		TTATATGGTATGATGGAAGTAATAAATACT
		ATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGGCTTCACC
		ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
		TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
		GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGA
		TGGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGA
		CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		CTCCTCA
		SEQ ID NO: 1782
	AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSY
		FGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYY
		ADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDT
		AVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 212
	NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CGTGGTCCAGCCTGGGAGGGTCCCTGAGACT
		CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGT

	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	AGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGCCT
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCC	CCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGC
	TGATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCC	TATATGGTATGATGCAAATAATAAATACTA
	AGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAG	TGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCAT
	TGGATCTGGGACAGATTTTACTCTCACC	CTCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCTGTA
	ATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG	TCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
	CAACATATTACTGTCAACAGTATGATGA	ACACGGCTGTGTATTACTGTGTGCGAGATC
	TCTATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAA	GGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACT
	GTGGATATCAAACGA	GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCT
		CA
	SEQ ID NO: 1626	SEQ ID NO: 1783
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSS
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGV	YGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKY
	PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC	YADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAED
	QQYDDLFTFGPGTKVDIKR	TAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQGTLVTVSS

IPS:361085		SEQ ID NO: 56	SEQ ID NO: 213
6AS.004.002	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC TCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGA GTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAG GACATTACCAACTATTTAAATTGGTAT CAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA ACTCCTGATCTACGATGCTTCCAATTT GGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTTCA GTGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTA CTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTG AAGATATTGCAACATATTACTGTCAAC AGTATGATGATCTATTCACTTTCGGCC CTGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGG CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGT AGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGCCT CCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGC TATATGGTATGATGCAAATAAATACTA TGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCAT CTCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCTGTA TCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATC GGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACT GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCT CA
		SEQ ID NO: 1627	SEQ ID NO: 1784
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDIATY YCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSS YGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKY YADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAED TAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQGTLVTVSS

		SEQ ID NO: 57	SEQ ID NO: 214
IPS:361091		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGAGG
6AS.004.003		TCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGA	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT
		GTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAG	CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGT
		GACATTACCAACTATTTAAATTGGTAT	AGCTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGCCT
		CAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAA	CCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGC
		ACTCCTGATCTACGATGCTTCCAATTT	TATATGGTATGATGCAAATAAATAAATACTA
		GGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTTCA	TGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCAT
	NA	GTGGAAGTGGATCTGGGACAGATTTTA	CTCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCTGTA
		CTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTG	TCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGG
		AAGATTTTGCAACATATTACTGTCAAC	ACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATC
		AGTATGATGATCTATTCACTTTCGGCC	GGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACC
		CTGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA	TCGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCT
			CA
		SEQ ID NO: 1628	SEQ ID NO: 1785
		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSS
	AA	TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP	YGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKY
		GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT	YADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAED
		YYCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	TAVYYCARDRTIFGVVLEYLGQGTLVTVSS

IPS:361095		SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 215
6A5.004.004	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
		TCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGA	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTG
		GTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAG	AGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCT
		GACATTACCAACTATTTAAATTGGTATC	CCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGG
		AGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAA	TCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		CTCCTGATCTACGATGCTTCCAATTTGG	AGTGGGTGGCAGCTATATGGTATGATG
		AGCCAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG	CAAATAATAAATACTATGCAGACGCCG
		GAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTT	TGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAG
		TCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAG	ACAGTTCCAAGAACACGCTGTATCTGC
		ATTTTGCAACATATTACTGTCAACAGTA	AAATGAACAGCCTGAGAGGCCGAGGAC
		TGATGATCTATTCACTTTCGGCCCTGGG	ACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
		ACCAAAGTGGATATCAAACGA	CGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAG
			TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
			GTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1629	SEQ ID NO: 1786
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFS
		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGV	FSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDA
		PSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDFATYYC	NNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQM

		QQYDDLFTFGPGTKVDIKR	NSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWG
			QGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 59	SEQ ID NO: 216
	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
		TCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGGACAGA	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTG
		GTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAG	AGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCT
		GACATTACCAACTATTTAAATTGGTATC	CCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGG
		AGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAA	TCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		CTCCTGATCTACGATGCTTCCAATTTGG	AGTGGGTGGCAGCTATATGGTATGATG
		AGCCAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTG	CAAATAATAAATACTATGCAGACGCCG
		GAAGTGGATCTGGGACAGATTTTACTC	TGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAG
		TCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAG	ACAGTTCCAAGAACACGCTGTATCTGC
		ATATTGCAACATATTACTGTCAACAGT	AAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGAC
		ATGATGATCTATTCACTTTCGGCCCTGG	ACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
		GACCAAAGTGGATATCAAACGA	CGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAG
			TACCTCGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
			GTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1630	SEQ ID NO: 1787
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFS
		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGV	FSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDA
		PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDIATYYC	NNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQM

		QQYDDLFTFGPGTKVDIKR	NSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYLG QGTLVTVSS

IPS:361105		SEQ ID NO: 60	SEQ ID NO: 217
6A5.004.006	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT TTGGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTT CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT TTACTTTCACCATCAGCAGCCTGCAGC CTGAAGATTTTGCAACATATTACTGTC AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA	SEQ ID NO: 1631
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP GVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDFAT	SEQ ID NO: 1788 QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY DANNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLY

		YYCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL
			EYLGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 61	SEQ ID NO: 218
	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT TTGGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTT CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT TTACTTTCACCATCAGCAGCCTGCAGC CTGAAGATATTGCAACATATTACTGTC AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGG AGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGAT TCTCCTTCAGTAGCTATGGCATGCACT GGGTCCGCCAGGCCTCCAGGCAAGGGG CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTA TGATGCAAATAATAAATACTATGCAG ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATC TCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCT GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGT GCGAGAGATCGGACGATTTTTGGAGT GGTCCTTGAGTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1632	SEQ ID NO: 1789
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP GVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIAT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY DANNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLY

IPS:361109
6AS.004.007

		YYCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL EYWGQGTLVTVSS

IPS:361113		SEQ ID NO: 62	SEQ ID NO: 219
6A5.004.008	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGG
		CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG	AGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC
		AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC	TGAGACTCTCCTGTGCAGCGGTCTGGAT
		AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT	TCTCCTTCAGTAGCTATGGCATGCACT
		ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT	GGGTCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGG
		AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT	CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTA
		TTGGAGCCAGGGGGTCCCATCAAGGTT	TGATGGAAATAATAAATACTATGCAG
		CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT	ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATC
		TTACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC	TCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCT
		CTGAAGATTTTGCAACATATTACTGTC	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
		AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGT
		GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA	GCGAGAGATCGGACGATTTTTGGAGT
		CGA	GGTCCTTGAGTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1633	SEQ ID NO: 1790
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF
		TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP	SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY
		GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT	DGNNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLY

		YYCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL EYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 63	SEQ ID NO: 220
	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT TTGGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTT CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT TTACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC CTGAAGATTTTGCAACATATTACTGTC AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG GCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA	SEQ ID NO: 1634
	A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY DANNKYYADSVKGRFTISRDSSKNTLY

		YYCQQYDDLFTFGPGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL EYWGQGTLVTVSS

IPS:359896			
6AS.004.010			
N A	SEQ ID NO: 64	SEQ ID NO: 221	
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGG	
	CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG	AGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC	
	AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC	TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGAT	
	AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT	TCTCCTTCAGTAGCTATGGCATGCACT	
	ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT	GGGTCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGG	
	AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT	CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTA	
	TTGGAGCCAGGGGGTCCCATCAAGGTT	TGATGCAAATAATAAATACTATGCAG	
	CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT	ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATC	
	TTACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC	TCCAGAGACAGTTCCAAGAACACGCT	
	CTGAAGATTTTGCAACATATTACTGTC	GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG	
	AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGT	
	GCCAAGGGACCAAAGTGGATATCAAA	GCGAGAGATCGGACGATTTTTGGAGT	
	CGA	GGTCCTTGAGTACTGGGGCCAGGGAA	
		CCCTGGTCACCGTCTCCTCA	
	SEQ ID NO: 1635	SEQ ID NO: 1792	
A A	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF	
	TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP	SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY	
	GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT	DANNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLY	

		YYCQQYDDLFTFGQGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL EYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 65	SEQ ID NO: 222
iPS:359890	N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATC CTCCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAG AGTCACCATCACTTGCCAGGCGAGTC AGGACATTACCAACTATTTAAATTGGT ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCT AAACTCCTGATCTACGATGCTTCCAAT TTGGAGCCAGGGGTCCCATCAAGGTT CAGTGGAAGTGGATCTGGGACAGATT TTACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGC CTGAAGATTTTGCAACATATTACTGTC AACAGTATGATGATCTATTCACTTTCG GCCAAGGGACCAAAGTGGATATCAAA CGA	SEQ ID NO: 1636
6AS.004.011	A A		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDI TNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEP GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFAT
			SEQ ID NO: 1793
			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF SFSSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWY DANNKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLY

		YYCQQYDDLFTFGQGTKVDIKR	LQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGVVL EYLGQGTLVTVSS

IPS:359567		SEQ ID NO: 66	SEQ ID NO: 223
2A11.002			
	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCAC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATTTTTA	CAGCGTCTGGATTCAGTTTCAGTAGCTATGGCAT
		CCAGCACCTACTTAGCCTGGTACCAGCAG	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGACT
		AAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCAT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT
		CTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCA	AATAAATACTATGAAGACGCCGTGAAGGGCCGA
		TCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCT	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
		GGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG	TGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
		ATTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTA	CACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGATTACG
		CTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCGCTT	ATTTTTGGTCATGGGTTTGAATATTGGGGCCAGG
		CGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAAC	GAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		GA	
		SEQ ID NO: 1637	SEQ ID NO: 1794
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTSTY	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGMH
		LAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYEDAVKGRF
		GSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSS	TISRDNSKNTLFLQVNSLRAEDTAVYYCARGITIFG
		PRFGQGTRLEIKR	HGFEYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 67	SEQ ID NO: 224

IPS:335965		
2A11.003		
NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCAC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCA	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATTTTTA	CAGCGTCTGGATTCAGTTTCAGTAGCTATGGCAT
	CCAGCACCTACTTAGCCTGGTACCAGCAG	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGACT
	AAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCAT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
	CTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCA	AATAAATACTATGAAGACTCCGTGAAGGGCCGA
	TCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCT	TTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGC
	GGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAG	TGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGAGAGCCGAGGA
	ATTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTA	CACGGCTGTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGATTACG
	CTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCGCTT	ATTTTTGGTCATGGGTTTGAATATTGGGGCCAGG
	CGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAAC	GAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	GA	
	SEQ ID NO: 1638	SEQ ID NO: 1795
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTSTY	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGMH
	LAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYEDSVKGRF
	GSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSS	TISRDNSKNTLFLQVNSLRAEDTAVYYCARGITIFG
	PRFGQGTRLEIKR	HGFEYWGQGTLVTVSS

IPS:361158		SEQ ID NO: 68	SEQ ID NO: 225
2A11.004			
NA		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGG
		TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC	AGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC
		TGCAGGGCCAGTCAGATTTTTACCAGCACCTAC	TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGA
		TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC	TTCAGTTTCAGTAGCTATGGCATGCA
		TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAG	CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
		GGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	GACTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGG
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCA	TATGATGGAAGTAATAAATACTATGA
		GCAGATTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATT	AGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC
		ACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCGCTTCG	ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
		GCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAACGA	GCTGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGA
			GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGGGATTACGATTTTTGG
			TCATGGGTTTGAATATTGGGGCCAGG
			GAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1639	SEQ ID NO: 1796
AA		EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTSTYLAW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF
		YQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD	SFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
		FTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPRFGQGTRLEI	YDGSNKYYEDAVKGRFTISRDNSKNTL

		KR	FLQVNSLRAEDTAVYYCARGITIFGHG FEYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 69	SEQ ID NO: 226
IPS:361165 2A11.005	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTG TCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGATTTTTACCAGCACCTAC TTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGC TCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAG GGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCA GCAGATTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATT ACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACCTCGGCTTCG GCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGG AGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGA TTCAGTTTCAGTAGCTATGGCATGCA CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GACTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGG TATGATGCAAGTAATAAATACTATGA AGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG CTGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGAG AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACT GTGCGAGAGGGATTACGATTTTTGGT CATGGGTTTGAATATTGGGGCCAGGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1640	SEQ ID NO: 1797
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTSTYLAW YQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD FTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPRFGQGTRLEI	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGF SFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW YDASNKYYEDSVKGRFTISRDNSKNTL

	KR	FLQVNSLRAEDTAVYYCARGITIFGHG FEYWGQGTLVTVSS

IPS:361172			
2G10_LC1.003			
	NA	SEQ ID NO: 70	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGC
			CACCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAA
			GAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGT
			CAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTG
			GTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTC
			CCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCC
			ACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAG
			GTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAG
			AGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG
			CAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTAC
			TGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCT
			CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGG
			AGATCAAAACGA
		SEQ ID NO: 1641	SEQ ID NO: 1798
	AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSN
		VSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRA	YGMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYY
		TGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFA	ADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDT
		VYYCQQYNNWPLTFGGGTKVEIKR	AVYYCARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS

		SEQ ID NO: 71	SEQ ID NO: 228
iPS:361178			
2G10_LC1.004			
	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC
		CACCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAA	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTC
		GAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGT	TCCTGTGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTA
		CAGAGTGTTAGCAGCAACTTAGCCTG	ACTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTC
		GTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTC	CAGGCGAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGCTA
		CCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCC	TATGGTTTGATGCAAGTGATAAATACTATG
		ACCAGGGCCACTGGTATCCCAGCCAG	CAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCT
		GTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAG	CCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATC
		AGTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	TGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTAC	CGGCTGTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGG
		TGTCAGCAGTATAATAACTGGCCTCT	CGATTTTTGGAGTGGTCCCCGACTACTGGG
		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGG	GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		AGATCAAACGA	
	AA	SEQ ID NO: 1642	SEQ ID NO: 1799
		EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSN
		VSSNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRA	YGMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYY
		TGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFA	ADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDT
		VYYCQQYNNWPLTFGGGTKVEIKR	AVYYCARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS

IPS:361185			
2G10_LC1.005			
		SEQ ID NO: 72	SEQ ID NO: 229
	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCTG TCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTA GCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC AGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCC ACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGG TCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGC CTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTC AGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTCGGCG GAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT CCTGTGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAA CTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA GGCGAGGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGCTATA TGGTTTGATGGAAGTGATAAATACTATGCAG ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAG AGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAA ATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTT TTGGAGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1643	SEQ ID NO: 1800
	AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAW YQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIPARFSGSGSGTE FTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPLTFGGGTKV EIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNY GMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDGSDKYYAD AVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY YCARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 73	SEQ ID NO: 230

iPS:361192			
2G10_LC1.006			
NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGC	
	TCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC	GTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCT	
	TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTA	CCTGTGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAA	
	GCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC	CTATGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCA	
	AGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCC	GGCGAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGCTATA	
	ACTGGTATCCCAGCCAGGGTCAGTGGCAGTGGG	TGGTTTGATGCAAGTGATAAAATACTATGCAG	
	TCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGC	ACGCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAG	
	CTGCAGTCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGTC	AGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAA	
	AGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTCGGCG	ATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT	
	GAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA	GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTT	
		TTGGAGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGG	
		AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	
AA	SEQ ID NO: 1644	SEQ ID NO: 1801	
	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNY	
	YQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIPARVSGSGSGTE	GMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYYAD	
	FTLTISSLQSEDFAVYYCQQYNNWPLTFGGGTKV	AVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVY	
	EIKR	YCARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS	

		SEQ ID NO: 74	SEQ ID NO: 231
iPS:359609			
2G10_LC1.007			
	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		CAGCCACCCTGTCTGTGTCTCCA	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGTGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTA
		GCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	TGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC
		CAGCAACTTAGCCTGGTACCAG	AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGT
		CAGAAACCTGGCCAGGCTCCCA	TTGATGCAAGTGATAAATACTATGCAGACGC
		GGCTCCTCATCTATGGTGCAGCC	CGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGAC
		ACCAGGGCCACTGGTATCCCAG	AACTCCAAGAACACACGCTGTATCTGCAAATGA
		CCAGGTTCAGTGGCAGTGGGTC	ACAGCCTGAGAGGCCGAGGACACGGCTGTGTA
		TGGGACAGAGTTCACTCTCACC	TTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGGAG
		ATCAGCAGCCTGGAGCCTGAAG	TGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
		ATTTTGCAGTTTATTACTGTCAG	GGTCACCGTCTCCTCA
		CAGTATAATAACTTCCCTCTCAC	
		TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTG	
		GAGATCAAACGA	
	AA	SEQ ID NO: 1645	SEQ ID NO: 1802
		EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYG
		ASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLL	MHWVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDKYYADA

		IYGAATRATGIPARFSGSGSGTEFT	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY
		LTISSLEPEDFAVYYCQQYNNFPL	CARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS
		TFGGGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 75	SEQ ID NO: 232
jPS:359615	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCG
		CAGCCACCCTGTCTGTGTCTCCA	TGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGTGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTA
		GCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAG	TGGCATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGC
		CAGCAACTTAGCCTGGTACCAG	AAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGT
		CAGAAACCTGGCCAGGCTCCCA	TTGATGCAAGTGATAAATACTATGCAGACGC
		GGCTCCTCATCTATGGTGCAGCC	CGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGAC
		ACCAGGGCCACTGGTATCCCAG	AACTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGA
		CCAGGTTCAGTGGCAGTGGGTC	ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
		TGGGACAGAGTTCACTCTCACC	TTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGGAG
		ATCAGCAGCCTGGAGCCTGAAG	TGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
		ATTTTGCAGTTTATTACTGTCAG	GGTCACCGTCTCCTCA
		CAGTATAATAACTATCCTCTCAC	
		TTTCGGCGGAGGGACCAAGGTG	
		GAGATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1646	SEQ ID NO: 1803
	AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYG

		ASQSVSSNLAWYQQKPGQAPRLL IYGAATRATGIPARFSGSGSGTEFT LTISSLEPEDFAVYYCQQYNNYPL TFGGGTKVEIKR	MHWVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDKYYADA VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CARDQAIFGVVPDYWGQGTLVTVSS

		SEQ ID NO: 76	SEQ ID NO: 233
		GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		TCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTA	ACTCTCCTGTGCAGCATCTGGATTCACCT
		GCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC	TCAGTAACTATGGCATGCACTGGGTCCGC
		AGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCC	CAGGCTCCAGGCGAGGGGCTGGAGTGGG
		ACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGG	TGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGAT
	N	TCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGC	AAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
	A	CTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT	GATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAG
		CAGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTCGGC	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		GGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA	GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGGAGT
			GGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			CTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1647	SEQ ID NO: 1804
		EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
	A	YQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIPARFSGSGSGTE	NYGMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDK
	A	FTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNNWPLTFGGGTKV	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
		EIKR	AEDTAVYYCARDQAIFGVVPDYWGQGTLV

IPS:361202			TVSS
2G10_LC1.010		SEQ ID NO: 77	SEQ ID NO: 234
	N	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCACCCTG	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		TCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCC	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		TGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAACTTA	ACTCTCCTGTGCAGCATCTGGATTCACCT
		GCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCC	TCAGTAACTATGGCATGCACTGGGTCCGC
		AGGCTCCTCATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCC	CAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGG
		ACTGGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTGGG	TGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGAT
	A	TCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGC	AAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCC
		CTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTTTATTACTGT	GATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAG
		CAGCAGTATAATAACTGGCCTCTCACTTTCGGC	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		GGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGA	GAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGGAGT
			GGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACC
			CTGGTCACCGTCTCCTCA
	A	SEQ ID NO: 1648	SEQ ID NO: 1805
		EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVSSNLAW	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS
		YQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIPARFSGSGSGTE	NYGMHWVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDK
	A	FTLTISSLEPEDFAVYYCQQYNNWPLTFGGGTKV	YYADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLR
	A	EIKR	AEDTAVYYCARDQAIFGVVPDYWGQGTLV
			TVSS

		SEQ ID NO: 78	SEQ ID NO: 235
IPS:359644		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC
		CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA	TGGTGAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG
		GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG	TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCC
		TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC	CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT
		CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT	CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC
		CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC	ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG
	NA	AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG	CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT
		TCTGGGACAGACTTCACTCTCA	ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA
		CCATCAGCAGACTGGAGCCTGA	GTGGTTATGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG
		TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC	GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT	
		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG	
		GTGGAGATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1649	SEQ ID NO: 1806
18E3.002	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGY
		ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL	YWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS

		LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD
		FTLTISRLEPDDFAVYYCQQYGSS	RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
		PLTFGGGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 79	SEQ ID NO: 236
iPS:361206	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC
		CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA	TGGTGAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG
		GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG	TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCC
		TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC	CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT
		CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT	CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC
		CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC	ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG
		AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG	CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT
		TCTGGGACAGACTTCACTCTCA	ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA
		CCATCAGCAGACAGGAGCCTGA	GTGGTTATGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG
		TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC	GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT	
		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG	
		GTGGAGATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1650	SEQ ID NO: 1807
18E3.003	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGY

IPS:359628	18E3.004	NA	YWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS
			RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD
			RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
		SEQ ID NO: 80	SEQ ID NO: 237
		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC
		CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA	TGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG
		GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG	TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCC
		TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC	CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT
		CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT	CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC
		CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC	ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG
		AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG	CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT
		TCTGGGACAGACTTCACTCTCA	ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA
		CCATCAGCAGACTGGAGCCTGA	GTGGTTATGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG
		TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC	GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT	
		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG	
		GTGGAGATCAAAACGA	
		SEQ ID NO: 1651	SEQ ID NO: 1808

		AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR
			ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL
			LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD
			FTLTISRLEPDDFAVYYCQQYGSS
			PLTFGGGTKVEIKR
		SEQ ID NO: 81	SEQ ID NO: 238
		NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC
			CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA
			GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT
			GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG
			TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC
			AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC
			CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT
			CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC
			AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG
			TCTGGGACAGACTTCACTCTCA
			CCATCAGCAGACTGGAGCCTGA
			TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC
			AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT
			CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG
			GTGGAGATCAAACGA

		SEQ ID NO: 1652	SEQ ID NO: 1809
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGY
		ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL	YWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS
		LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD
		FTLTISRLEPDDFAVYYCQQYGSS	RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
		PLTFGGGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 82	SEQ ID NO: 239
	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC
		CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA	TGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACC
		GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT	TGCACTGTCTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG
		GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG	TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACC
		TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC	CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT
		CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT	CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC
		CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC	ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG
		AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG	CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT
		TCTGGGACAGACTTCACTCTCA	ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA
		CCATCAGCAGACTGGAGCCTGA	GTGGTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG
		TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC	GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT	
		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG	

18E3.006

iPS:361210

			GTGGAGATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1653	SEQ ID NO: 1810
AA		EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD FTLTISRLEPDDFAVYYCQQYGSS PLTFGGGTKVEIKR	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISSGGY YWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
		SEQ ID NO: 83	SEQ ID NO: 240
NA		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG TCTGGGACAGACTTCACTCTCA CCATCAGCAGACAGGAGCCTGA TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC TGGTGAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCACC CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA GTGGTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

		CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG GTGGAGATCAAACGA
AA	SEQ ID NO: 1654	SEQ ID NO: 1811
	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD FTLTISRQEPDDFAVYYCQQYGSS PLTFGGGTKVEIKR	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGY YWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
NA	SEQ ID NO: 84	SEQ ID NO: 241
	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTC CAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCA GGGGAAAGAGCCACCCTCTCCT GCAGGGCCAGTCAGAGTATTAG TTACAGTTACTTAGCCTGGTACC AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCC CCGGCTCCTCATCTATGGTGCAT CCAGCAGGGCCACTGGCATCCC AGACAGGTTCAGTGGCAGTGGG TCTGGGACAGACTTCACTCTCA CCATCAGCAGACAGGAGCCTGA TGATTTTGCAGTGTATTACTGTC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGAC TGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACC TGCACTGTCTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGG TGGTTACTACTGGAGCTGGATCCGCCAGCCCC CAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACAT CTATTACAGTGGGAGCACCTACTACAACCCGT CCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGAC ACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAG CTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTATT ACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGA GTGGTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGG GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

			AGCAGTATGGTAGTTCACCGCT CACTTTCGGCGGAGGGACCAAG GTGGAGATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1655	SEQ ID NO: 1812
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCR ASQSISYSYLAWYQQKPGQAPRL LIYGASSRATGIPDRFSGSGSGTD FTLTISRQEPDDFAVYYCQQYGSS PLTFGGGTKVEIKR	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISSGGY YWSWIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKS RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARD RITIFGVVMGGGMDVWGQGTTVTVSS
		SEQ ID NO: 85	SEQ ID NO: 242
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT TTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACA GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACCGATTTTTGGAATGGT TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA

			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAAACGA
		AA	SEQ ID NO: 1656
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
		AA	SEQ ID NO: 86
			GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG
		NA	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1813
			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRF QGRVTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 243
			CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT TTCAGGGCAGGTTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACA GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC

			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1657
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 87
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTAAGCT
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1814
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRF QGRFTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCA REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 244
		NA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT GACGCTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG

IPS:359685	5C2.009		
			GCTCATTTACTGGGCATCTACCC
			GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT
			ATTATAGTACTCCGTGGACGTT
			CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
			AATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1658	SEQ ID NO: 1815
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQQPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQR FQGRVTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 88	SEQ ID NO: 245
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT

			TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1659
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 89
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GACGCTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT TCAGGGCAGGTTCACCATGACCAGGGACACG TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1816
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQR FQGRFTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 246
		NA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC

	GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
	ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT
	TACATAGCTTGGTACCAGCAGC	GACAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT
	AACCAGGACATCCTCCTAAGCT	TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
	GCTCATTTACTGGGCATCTACCC	TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG
	GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG	GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
	ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT
	ACAGATTTCACTCTCACCATCA	ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
	GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
	GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	
	ATTATAGTACTCCGTGGACGTT	
	CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA	
	AATCAAACGA	
	SEQ ID NO: 1660	SEQ ID NO: 1817
	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG	YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRF
	HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS	QGRVTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC
AA	GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ	AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
	QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	
	SEQ ID NO: 90	SEQ ID NO: 247

IPS:361247	5C2.011		
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACATAGCTTGGTACCAGCAGC
			AACCAGGACATCCTCCTCTAAGCT
			GCTCATTTACTGGGCATCTACCC
			GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT
			ATTATAGTACTCCGTGGACGTT
			CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
			AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1661
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG
			HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS
			GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ

	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
	AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT
	GACAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT
	TCAGGGCAGGTTCACCATGACCAGGGACACG
	TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG
	GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
	GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT
	ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1818
	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRF
	QGRFTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCA
	REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS

		QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 91	SEQ ID NO: 248
iPS:361254	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
		GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
		ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT
		TACATAGCTTGGTACCAGCAGC	GACAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT
		AACCAGGACATCCTCCTCTAAGCT	TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
		GCTCATTTACTGGGCATCTACCC	TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG
		GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG	GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
		ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT
		ACAGATTTCACTCTCACCATCA	ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
		GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
		GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTT	
		CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA	
		AATCAAAACGA	
		SEQ ID NO: 1662	SEQ ID NO: 1819
	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
		SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQQPG	YIIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRF

		HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS	QGRVTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC
		GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ	AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
		QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 92	SEQ ID NO: 249
iPS:361261	5C2.013	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1663
			SEQ ID NO: 1820

		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
		NA	SEQ ID NO: 93 GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGC AACCAGGACATCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
iPS:361268	5C2.014		

		AA	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQR FQGRFTMTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYC AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
		NA	SEQ ID NO: 250 CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT GACGCTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
iPS:361268	5C2.014		

			AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1664
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQQPG
			HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS
			GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ
			QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 94
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACATAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAACCTCCTAAGCT
			GCTCATTTACTGGGCATCTACCC
			GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT
			SEQ ID NO: 251
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT
			GACGCTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT
			TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
			TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACAG
			CCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT
			GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT
			ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
			CCTGGTCACCGTCTCCTCA

			ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
		AA	SEQ ID NO: 1665
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSNNKNYIAWYQQKPG QPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
		AA	SEQ ID NO: 95
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAACCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			SEQ ID NO: 1822
			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQR FQGRVTMTRDTSISTAYMELNSLRSDDTAVYYC AREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 252
		NA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT TTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAACA GCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA

			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
		AA	SEQ ID NO: 1666
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQKPG QPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
		AA	SEQ ID NO: 96
			GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAACAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG
		NA	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA

			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1667
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 97
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAACAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCTT ATTGTACCATTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1824
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKF QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCA REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 254
		NA	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGTGTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTA ACAGTGGTGACACAAGCTATGCACAGAAGTTT CAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACACGT

IPS:361289	11C1.004		
		AA	GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1668	SEQ ID NO: 1825
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
		SEQ ID NO: 98	SEQ ID NO: 255
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			CCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCAG ACTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTTCT GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCTT ATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1825
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGDTSYAQKF QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCA REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 255
			CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGTGTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTA

iPS:35971	11C1.005	
2		
		TACTTAGCTTGGTACCAACAGA
		AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
		GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
		GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG
		ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
		ACAGATTTCACTCTCACCATCA
		ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
		GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
		ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
		GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
		ATCAAACGA
	SEQ ID NO: 1669	SEQ ID NO: 1826
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKF
	GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS	QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCA
	GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY	REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
	YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
	SEQ ID NO: 99	SEQ ID NO: 256
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT
	CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC

	GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
	ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGGCTTGTGTGGATGGGGTGGATCAGCCCTA
	TACTTAGCTTGGTACCAACAGA	ACAGTGGTGAAACAAGCTATGCACAGAAGTT
	AACCAGGACAGCCTCCTAACCT	TCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
	GCTCATTTACTGGACTTCTACCC	TCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCAG
	GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG	ACTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTTCT
	ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	GTACGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCTT
	ACAGATTTCACTCTCACCATCA	ATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
	ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
	GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT	
	ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC	
	GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA	
	ATCAAACGA	
	SEQ ID NO: 1670	SEQ ID NO: 1827
	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKF
	GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG	QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCT
AA	SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY	REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
	CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
	SEQ ID NO: 100	SEQ ID NO: 257

iPS:361293	11C1.006		
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT
		CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
		GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
		ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGGCTTGTGTGGATGGGGTGGATCAGCCCTA
		TACTTAGCTTGGTACCAACAGA	ACAGTGGTGACACAAGCTATGCACAGAAGTTT
		AACCAGGACAGCCTCCTAACCT	CAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACACGT
		GCTCATTTACTGGACTTCTACCC	CCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCAG
		GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG	ACTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTTCT
		ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	GTACGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCTT
		ACAGATTTCACTCTCACCATCA	ATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC
		ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCTGGTCACCGTCTCCTCA
		GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT	
		ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC	
		GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA	
		ATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1671	SEQ ID NO: 1828
	AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
		SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGDTSYAQKF
		GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG	QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCT
		SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY	REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS

IPS:361297			CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 101
	11C1.007	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAACAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1672
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			SEQ ID NO: 258
			CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGTGTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTA ACAGTGGTGAAACAAGCTATGCACAGAAGTT TCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACACG TCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCAG ACTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTTCT GTACGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCTT ATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1829
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKF

		GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCT REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 102	SEQ ID NO: 259
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAACAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1673	SEQ ID NO: 1830

IPS:361301
IICI.008

		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS
			GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY
			YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGDTSYAQKF
			QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCA
			REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 103	SEQ ID NO: 260
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAACAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAAACT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA

			ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1674
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPKLLIYWTSTRESGVPDRFSG
			SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY
			CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 104
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAACAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			SEQ ID NO: 261
			CAGGTGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAGCCCT
			AACAGTGGTGAAACAAGCTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GACTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTTC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA

iPS:361305 11C1.010

			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
			ATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1675	SEQ ID NO: 1832
	AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
		SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNSGETSYAQKF
		GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG	QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCA
		SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY	REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 105	SEQ ID NO: 262
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
		GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
		ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGACTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT
		TACATAGCTTGGTACCAGCAGA	GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT
		AACCAGGACATCCTCCTCCTAAGCT	TTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		GCTCATTTACTGGGCATCTACCC	GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCA
		GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG	GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
		ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT
		ACAGATTTCACTCTCACCATCA	TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA

			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
		AA	SEQ ID NO: 1676
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQKPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
		AA	SEQ ID NO: 106
			GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACATAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACATCCTCCTAAGCT GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG
		NA	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
			AGGACTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT
			GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT
			TTCAGGGCAGGTTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC

			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA	TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	
			ATTATAGTACTCCGTGGACGTT	
			CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA	
			AATCAAAACGA	
			SEQ ID NO: 1677	SEQ ID NO: 1834
		AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKPG	YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRF
			HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS	QGRFTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA
			GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ	REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	
			SEQ ID NO: 107	SEQ ID NO: 264
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGACTTGAGTGGATGGGGTGGATCAACCCT
			TACATAGCTTGGTACCAGCAGA	GACAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGTT
			AACCAGGACATCCTCCTCCTAAGCT	TCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG

IPS:359737	13H12.005		
		AA	GCTCATTTACTGGGCATCTACCC GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT ATTATAGTACTCCGTGGACGTT CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA AATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1678
			DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYIAWYQQKPG HPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ QYYSTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 108
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCAG GCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACT GTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAAC CCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1835
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRF QGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 265
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA AGGACTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT

IPS:361326		
6		
13H12.00		
6		
	NA	GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT
		TTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCA
		GCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
		TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT
		TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
		CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1836
		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
		YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRF
		QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA
		REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
		SEQ ID NO: 266
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
		CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG
		GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
		CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC

	GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATCCACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACA
	ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGACTTGAGTGGATGGGGGTGGATCAACCCT
	TACATAGCTTGGTACCAGCAGA	GAAAGTGGTGGCACAGACTATTCACAGAGGT
	AACCAGGACAACCTCCTAAGCT	TTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
	GCTCATTTACTGGGCATCTACCC	GTCCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCA
	GGGAATCCGGGGTCCCTGACCG	GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
	ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGT
	ACAGATTTCACTCTCACCATCA	TATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
	GCAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	GGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	
	ATTATAGTACTCCGTGGACGTT	
	CGGCCAAGGGACCAAGGTGGA	
	AATCAAACGA	
	SEQ ID NO: 1680	SEQ ID NO: 1837
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKPG	YIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRF
	QPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGS	QGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA
	GSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQ	REATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
	QYYSTPWTFGQGTKVEIKR	
	SEQ ID NO: 110	SEQ ID NO: 267

iPS:361330			
	12H11.002		
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
			ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1681
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS
			GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY

			CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATAAGCCCT
			AACCAAGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1838
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKF
			QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA
			REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS

iPS:36133			YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
12H11.003			SEQ ID NO: 111
	NA		GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
			ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1682
	AA		DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			SEQ ID NO: 268
			CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATAAGCCCT
			AACCAAGGTGACACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1839
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGDTNYAQK

		GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS	FQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYC
		GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY	AREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
iPS:361344	12H11.004	SEQ ID NO: 112	SEQ ID NO: 269
		GACATCGTGATGACCCAGTCTC	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GGCGAGAGGGCCACCATCAACT	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
		GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT	TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
		ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC	AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT
		TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA	AACCAAGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT
		AACCAGGACAGCCTCCTAACCT	TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		GCTCATTTACTGGACTTCTACCC	GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
	NA	GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG	GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
		ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG	TGTACGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
		ACAGATTTCACTCTCACCATCA	TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
		ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT	CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT	
		ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC	
		GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA	
		ATCAAACGA	
		SEQ ID NO: 1683	SEQ ID NO: 1840

Y		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS
			GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY
			YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKF
			QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCT
			REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
		AA	SEQ ID NO: 270
		NA	SEQ ID NO: 113
			GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA

			ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1684
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS
			GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY
			YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 114
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGATTCCGGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			SEQ ID NO: 271
		NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT
			AACAATGGTGACACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA

			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1685
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 115
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			SEQ ID NO: 1842
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGDTNYAQK FQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYC AREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 272
		NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATAAGCCCT AACCAAGGTGACACAAACTATGCACAGAAGT TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTACGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA

			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		AA	SEQ ID NO: 1843
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGDTNYAQK
			FQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYC
			TREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 273
		NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT
			AACAATGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC

			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1687
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRFS GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 117
iPS:361379	12H11.009	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT

	TGTACGAGAGAGGCCACCGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1844
	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGETNYAQKF QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCT REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
	SEQ ID NO: 274
	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT AACCAAGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC

IPS:361383			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA
	12H11.010		SEQ ID NO: 1688
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
		NA	SEQ ID NO: 118
			GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1845
			QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKF QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 275
			CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT

			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
			ATCAAACGA
			SEQ ID NO: 1689
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG
			SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY
			CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR
			SEQ ID NO: 119
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGCCACCATCAACT
			AACAATGGTGACACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
			SEQ ID NO: 1846
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGDTNYAQK
			FQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYC
			AREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 276
		NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC

iPS:361138	12H11.01	
7	1	

GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAGCCTCCTAACCT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA	SEQ ID NO: 1690	TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT AACCAAGGTGACACAAACTATGCACAGAAGT TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA	SEQ ID NO: 1847
DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	SEQ ID NO: 120	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGDTNYAQK FQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYC AREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS	SEQ ID NO: 277

AA

iPS:361391	12H11.012		
		NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC
			CAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTG
			GGCGAGAGGGGCCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT
			ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC
			TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA
			AACCAGGACAGCCTCCTAACCT
			GCTCATTTACTGGACTTCTACCC
			GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG
			ATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGG
			ACAGATTTCACTCTCACCATCA
			ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT
			GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT
			ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC
			GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA
			ATCAAACGA
		SEQ ID NO: 1691	SEQ ID NO: 1848
		AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCK
			SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP
			GQPPNLLIYWTSTRESGVPDRFSG
			SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY
			CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
			GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
			GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC
			TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA
			AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT
			AACAATGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT
			TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA
			GGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC
			TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT
			TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA
			CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1848	
		AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
			YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGETNYAQKF
			QDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCA
			REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS

iPS:361395		CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
		SEQ ID NO: 121	SEQ ID NO: 278
12H11.013	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAGCCTCCTAAACT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGATTCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGATAAGCCCT AACCAAGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT TTCAGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA GCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1692	SEQ ID NO: 1849
	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKF

iPS:361402		GQPPKLLIYWTSTRDSGVPDRFS GSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVY YCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	QDRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
	12H11.014	SEQ ID NO: 122	SEQ ID NO: 279
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTC CAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTG GGCGAGAGGGCCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGAAC TACTTAGCTTGGTACCAGCAGA AACCAGGACAGCCTCCTAAACT GCTCATTTACTGGACTTCTACCC GAGAATCCGGGGTCCCTGACCG ATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGG ACAGATTTCACTCTCACCATCA ACAGCCTGCAGGCTGAAGATGT GGCTGTTTATTACTGTCAGCAAT ATTATCGTACTCCGTGGACGTTC GGCCAAGGGACCAAGGTGGAA ATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTAC TATATACACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACA AGGGCTTGAGTGGATGGGGGTGGATAAGCCCT AACCAAGGTGAAACAAACTATGCACAGAAGT TTCAGGGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGAGCA GCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTAC TGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGCT TATTGTACCATTTGACTACTGGGGCCAGGGAA CCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1693	SEQ ID NO: 1850

		iPS:361406
		2C2.005.001
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCK	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSQSVLSSSNNKNYLAWYQQKP	YIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKF
	GQPPKLLIYWTSTRESGVPDRFSG	QDRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA
	SGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYY	REATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSS
	CQQYYRTPWTFGQGTKVEIKR	
	SEQ ID NO: 123	SEQ ID NO: 280
NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG
	CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG	TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
	GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT	TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA
	TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG	CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC
	GAAGTCAAACTGTAAACTGGTA	AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC
	CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC	TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG
	CCCAAACTCCTCATCTATACTA	TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA
	ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT	CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC
	CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA	AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA
	AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT	CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG
	GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG	ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA
	AGGATGAGGCTGATTATTTCTG	CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT
	TGCAACATTCGATGAAAGCCTG	CCTCA
	AGTGGTCCGGTATTCGGCGGAG	
	GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG	

		T	
		SEQ ID NO: 1694	SEQ ID NO: 1851
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSQTVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LSGPVFGGGTKLTVLG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
		SEQ ID NO: 124	SEQ ID NO: 281
	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTCAAACTGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGAAAGCCTG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA

IPS:361412
2C2.005.002

		CAAGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
	AA	SEQ ID NO: 1695
		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSQTVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LQGPVFGGGTKLTVLG
	NA	SEQ ID NO: 125
		CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATTATGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG
		SEQ ID NO: 1852
		QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
		SEQ ID NO: 282
		CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA

iPS:361418

2C2.005.003

		AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGAAAGCCTG AGTGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T	CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
	AA	SEQ ID NO: 1696	SEQ ID NO: 1853
		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNYVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LSGPVFGGGTKLTVLG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
	NA	SEQ ID NO: 126	SEQ ID NO: 283
		CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATTATGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA

iPS:361424
2C2.005.004

			AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGAAAGCCTG CAAGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
			SEQ ID NO: 1697
		AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNYVVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LQGPVFGGGTKLTVLG
			SEQ ID NO: 127
		NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTCAAACTGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA
			SEQ ID NO: 284
			CTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
			SEQ ID NO: 1854
			QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS

			ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT
			CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA
			AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT
			GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG
			AGGATGAGGCTGATTATTTCTG
			TGCAACATTCGATGACAGCCTG
			AATGGTCCGGTATTCGGCGGAG
			GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG
			T
		SEQ ID NO: 1698	SEQ ID NO: 1855
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
		SSSNIGSQTVNWYQHLPGTAPKL	YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ
		LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS	KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY
		ASLAISGLQSEDEADYFCATFDDS	CARGGDYVVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT
		LNGPVFGGGTKLTVLG	VSS
		SEQ ID NO: 128	SEQ ID NO: 285
	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG
		CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG	TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
		GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT	TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA
		TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG	CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC
		GAAGTAATTATGTAAACTGGTA	AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC

iPS:36144 2			CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGACAGCCTG AATGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
	SEQ ID NO: 1699		SEQ ID NO: 1856
2C2.005.0 07	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNYVVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDDS LNGPVFGGGTKLTVLG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
	SEQ ID NO: 129		SEQ ID NO: 286
	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA

	TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATACTGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGAAAGCCTG AATGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T	CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
	SEQ ID NO: 1700	SEQ ID NO: 1857
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNTVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LNGPVFGGGTKLTVLG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
	SEQ ID NO: 130	SEQ ID NO: 287

NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG
	CCTCAGCGGTCTGGGACCCCCGG	TGAAGAAGCCTGCGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
	GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT	TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA
	TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG	CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC
	GAAGTAATACTGTAAACTGGTA	AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC
	CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC	TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG
	CCCAAACTCCTCATCTATACTA	TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA
	ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT	CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC
	CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA	AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA
	AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT	CTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACGTTTGGGGG
	GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG	ACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGTATGGA
	AGGATGAGGCTGATTATTTCTG	CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT
	TGCAACATTCGATGACAGCCTG	CCTCA
	CAAGGTCCGGTATTCGGCGGAG	
	GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG	
	T	
	SEQ ID NO: 1701	SEQ ID NO: 1858
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY
	SSSNIGSNTVNWYQHLPGTAPKL	YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ
	LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS	KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY
	ASLAISGLQSEDEADYFCATFDDS	CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT

iPS:361454		LQGPVFGGGTKLTVLG	VSS
		SEQ ID NO: 131	SEQ ID NO: 288
2C2.005.009	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATACTGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGACAGCCTG AGTGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
		SEQ ID NO: 1702	SEQ ID NO: 1859
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNTVNWYQHLPGTAPKL	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ

		LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS	KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY
		ASLAISGLQSEDEADYFCATFDDS	CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT
		LSGPVFGGGTKLTVLG	VSS
iPS:361460	2C2.005.010	SEQ ID NO: 132	SEQ ID NO: 289
		NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA
		SEQ ID NO: 1703	SEQ ID NO: 1860

AA		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG
		SSNIGSNTVNWYQHLPGTAPKL
		LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS
		ASLAISGLQSEDEADYFCATFDDS
		LNAPVFGGGTKLTVLG
	SEQ ID NO: 133	SEQ ID NO: 290
NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG
	CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG	TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC
	GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT	TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA
	TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG	CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC
	GAAGTAATACTGTAAACTGGTA	AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC
	CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC	TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG
	CCCAAACTCCTCATCTATACTA	TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA
	ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT	CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC
	CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA	AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA
	AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT	CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTGGGGG
	GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG	ACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGTATGGA
	AGGATGAGGCTGATTATTTCTG	CGTCTGGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT
	TGCAACATTCGATAGCAGCCTG	CCTCA
	AATGGTCCGGTATTCGGCGGAG	
	GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG	

		T	
		SEQ ID NO: 1704	SEQ ID NO: 1351
AA		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNTVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDSS LNGPVFGGGTKLTVLG	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
		SEQ ID NO: 134	SEQ ID NO: 291
NA		CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATTATGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATAGCAGCCTG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACGTTTGGGGG ACTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGA CGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCT CCTCA

IPS:361472
2C2.005.012

			AATGCTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
		AA	SEQ ID NO: 1705
			QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNYVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDSS LNAPVFGGGTKLTVLG
		NA	SEQ ID NO: 135
			CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTAATTATGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG
			SEQ ID NO: 292
			QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGY YMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQ KFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYY CARGGDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVT VSS
			CTGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGG TGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCC TGCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTA CTATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGAC AAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCC TAACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAG TTTCAGGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACA CGTCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGC AGCCTGAGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTA CTGTGCGAGAGGGGGGGATTACGTTTCGGGA CTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGAC

			AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATAGCAGCCTG AATGCTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
		AA	SEQ ID NO: 1706
			QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSNYVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDSS LNAPVFGGGTKLTVLG
		NA	SEQ ID NO: 136
			CAGTCTGTGCTGACTCAGCCAC CCTCAGCGTCTGGGACCCCCGG GCAGAGGGTCACCATCTCTTGT TCTGGAAGTAGCTCCAACATCG GAAGTCAAACTGTAAACTGGTA CCAGCACCTCCCAGGAACGGCC CCCAAACTCCTCATCTATACTA ATAATCAGCGGCCCTCAGGGGT CCCTGACCGATTCTCTGGCTCCA	GTCTGGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTC CTCA

		AGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTT GCCATCAGTGGGCTCCAGTCTG AGGATGAGGCTGATTATTTCTG TGCAACATTCGATGAAAGCCTG AGTGGTCCGGTATTCGGCGGAG GGACCAAGCTGACCGTCCTAGG T
	AA	SEQ ID NO: 1707
		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSG SSSNIGSQTVNWYQHLPGTAPKL LIYTNNQRPSGVPDRFSGSKSGTS ASLAISGLQSEDEADYFCATFDES LSGPVFGGGTKLTVLG
	NA	SEQ ID NO: 137
		GACATCCAGATGACCCAGTCTC CATCCTCCCTGTCTGCATCTATA GGAGACAGAGTCACCATCACTT GCCGGGCAAGTCAGGACCTTAG AAATTATTTAGGCTGGTATCAA CAGAAACCAGGGAAAGCCCCTA AGCGCCTGATCTATGGTGCATC	CTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACGTTTCGGGA CTTATCGGCCTCACTACTACGGTATGGAC GTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTC CTCA

	CAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCT	TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAG
	TCAAGGTTCAGCGGCAGTGGAT	CCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACT
	CTGGGACAGAATTCACTCTCAC	GTGCGAGAGATAGGACGATCTTTGGAGTGGTC
	AATCAGCAGCCTGCAGCCTGAA	TTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
	GATTTCGCAACTTATTACTGTCT	TCACCGTCTCCTCA
	ACAGCATAATAATTACCCCTTC	
	ACTTTCGGCCAAGGGACCAAAG	
	TGGATATCAAACGA	
	SEQ ID NO: 1708	SEQ ID NO: 1865
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFG
	ASQDLRNYLGWYQQKPGKAPKR	MHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADA
AA	LIYGASSLQSGVPSRFSGSGSGTE	VKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYC
	FTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNY	ARDRTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSS
	PFTFGQGTKVDIKR	

	SEQ ID NO: 138	SEQ ID NO: 295	
N A	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCC CTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGTCACC ATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTAGA GATTATTTAGGCTGGTATCAGCAGAAACCA GGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGGT GCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCTTCA AGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA ATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCC TGAAGATTTCGCAACTTATTACTGTCTACA GCATAATAATTACCCCTTCACTTTCGGCCA AGGGACCAAAGTGGATATCAAACGA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGG CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG CAAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAG GGCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCG AGATAGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGA CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTC CTCA	
	SEQ ID NO: 1709	SEQ ID NO: 1866	
A A	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRDYL GWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPSRFSG SGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPF TFGQGTKVDIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVK GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARD RTIFGVLLGDYWGQGTLVTVSS	
	SEQ ID NO: 139	SEQ ID NO: 296	

		CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		GCAAGGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACT
		ATATGCATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
		GGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCTAA
		CAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
		GGGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACGTCCA
		TCAGTACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTG
		AGGTCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCG
		AGAGGGGGGGGATTACGTTTGGGGGACTTATCG
		GCCTCACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
		CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
		SEQ ID NO: 1867
		QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYY
		MHWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQ
		GRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARG
		GDYVWGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSS
		SEQ ID NO: 297
		CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		TACAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG

	AGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCT	CATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
	GGGAAAGCCCCTGAGCTCCTGATCTATGTT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG
	GCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCA	GAAGTAATAAGTTCCATGCAGACTCCGTGAAG
	AGATTCAGTGGCAGTGGTTCTGGGACAGAT	GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
	TTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCT	AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG
	GAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAG	AGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTGGCGAG
	AGTTACAGTACCCTGATCAGTTTTGGCCAG	AGGAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCTTTTGA
	GGGACCAAGCTGGAGATCACACGA	AATCTGGGGCCAAGGGACAAAGGTCACCGTCT
		CTTCA
	SEQ ID NO: 1711	SEQ ID NO: 1868
A	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRFL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCTASGFTFSSYGIH
	NWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPSRFSG	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKFHADSVKGR
A	SGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTLIS	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCARGKV
	FGQGTKLEITR	AGMPEAFEIWGQGTKVTVSS
	SEQ ID NO: 141	SEQ ID NO: 298
	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	TCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCACCATC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
N	TCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGA	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
A	AATAATTATGTATCCTGGTATGAGCAGTTC	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
	CCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTAT	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAACCCTAA
	GACAATAATAAGCGACCCTCAGGGATTCCT	CAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCC

	GACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACG	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
	TCAGCCACCCTGGGCATCACCGGACTCCAG	ATAACGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
	ACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGG	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGC
	AACATGGGATAGCAGCCTGAGTGCTGTGGT	GAGAGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTATC
	ATTCGGCGGAGGGACCAAACTGACCGTCCT	GTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTCT
	AGGT	GGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
	SEQ ID NO: 1712	SEQ ID NO: 1869
A	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDI
	YVSWYEQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPDRFS	NWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKFQ
A	GSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSS	GRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCARG
	LSAVVFGGGTKLTVLG	GDYVVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
	SEQ ID NO: 142	SEQ ID NO: 299
	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTCC	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	ATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACCATTAGC	TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG
N	AGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCT	CATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
A	GGGAAAGCCCCTGAGCTCCTGATCTATGTT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG
	GCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCA	CAAGTAATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAG
	AGATTCAGTGGCAGTGGTTCTGGGACAGAT	GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG
	TTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCT	AACACGGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG
	GAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAG	AGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTGCGAG

AGTTACAGTACCCTGATCAGTTTTGGCCAG GGGACCAAGCTGGAGATCAAACGA		AGGAAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCTTTTGA AATCTGGGGGCCAAGGGACAAAGGTCAGGTCT CTTCA
SEQ ID NO: 1713		SEQ ID NO: 1870
DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRFL NWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPSRFSG SGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTLIS FGQGTKLEIKR	A A	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGIH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFHADAVKGR FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCARGKV AGMPEAFEIWGQGTKVTVSS
SEQ ID NO: 143		SEQ ID NO: 300
GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTCC CTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACT ATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACCATTAGC AGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAGAAACCT GGGAAAGCCCCTGAGCTCCTGATCTATGTT GCATCCAGTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCA AGATTCAGTGGCAGTGGTTCTGGGACAGAT TTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCT GAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAG AGTTACAGTACCCTGATCAGTTTTGGCCAG GGGACCAAGCTGGAGATCAAACGA	N A	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG TACAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG CATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATG CAAGTAATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAG GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAG AACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAG AGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTGCGAG AGGAAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCTTTTGA AATCTGGGGGCCAAGGGACAAAGGTCACCGTCT CTTCA

		SEQ ID NO: 1714	SEQ ID NO: 1871
		DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRFL	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCTASGFTFSSYGIH
	A	NWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPSRFSG	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFHADAVKGR
	A	SGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSTLIS	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCARGKV
		FGQGTKLEIKR	AGMPEAFEIWGQGTKVTVSS

IPS:361140			
5G12.006.003			
	NA	SEQ ID NO: 144	SEQ ID NO: 301
		GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		TCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGA	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT
		GTCACTATCACTTGCCGGGGCAAGTCAG	GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATG
		ACCATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTAT	GCATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAG
		CAGCAGAAACCTGGGAAAGCCCCTGA	GGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGA
		GCTCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT	TGCAAGTAATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGA
		GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGATTCA	AGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
		GTGGCAGTGGTTCTGGGACAGATTTCA	AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		CTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCTG	GAGAGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTG
		AAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAAC	CGAGAGGAAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCT
		AGAGTTACAGTACCCTGATCAGTTTTG	TTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACAAAGGTCAC
		GCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCACA	CGTCTCTTCA
		CGA	
	AA	SEQ ID NO: 1715	SEQ ID NO: 1872
		DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGI
		RFLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGV	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFHADAVK
		PSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYY	GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCAR
		CQQSYSTLISFGQGTKLEITR	GKVAGMPEAFEIWGQGTKVTVSS

IPS:359919		SEQ ID NO: 145	SEQ ID NO: 302
5G12.006.004	NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCC	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		TCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGA	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT
		GTCACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAG	GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATG
		ACCATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTAT	GCATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAG
		CAGCAGAAACCTGGGAAAGCCCCTAA	GGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGA
		GCTCCTGATCTATGTTGCATCCAGTTT	TGCAAGTAATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGA
		GCAAAGTGGGGTCCCATCAAGATTCA	AGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
		GTGGCAGTGGTTCTGGGACAGATTTCA	AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT
		CTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCTG	GAGAGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTG
		AAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAAC	CGAGAGGAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCT
		AGAGTTACAGTACCCTGATCAGTTTTG	TTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACATTGGTCAC
		GCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAA	CGTCTCTTCA
		CGA	
	AA	SEQ ID NO: 1716	SEQ ID NO: 1873
		DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGI
		RFLNWYQQKPGKAPKLLIYVASSLQSG	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFHADAVK
		VPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATY	GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCAR
		YCQQSYSTLISFGQGTKLEIKR	GKVAGMPEAFEIWGQGTLVTVSS

IPS:361144			
5G12.006.005			
		SEQ ID NO: 146	SEQ ID NO: 303
		GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTC	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT
		ACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACCA	CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAG
		TTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAG	TAGCTATGGCATACACTGGGTCCGCCAGGC
		AAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCTGA	TCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAG
		TCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGG	TTATATGGTATGATGCAAGTAATAAGTTCC
N		GTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTGGTT	ATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
A		CTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAG	TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		CAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCT	GACTCGGCTATGTACTTCTGTGCGAGAGGA
		GATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG	AAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCTTTTGAA
		GAGATCAAACGA	ATCTGGGGCCAAGGGACAAAGGTCACCGT
			CTCTTCA
		SEQ ID NO: 1717	SEQ ID NO: 1874
		DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRF	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSS
A		LNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPSRF	YGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFH
A		SGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYS	ADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDS
		TLISFGQGTKLEIKR	AMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQGTKVTVSS

iPS:361151		SEQ ID NO: 147	SEQ ID NO: 304
5G12.006.006		GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTC	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGG
		CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTC	CGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACT
		ACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACCA	CTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAG
		TTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAG	TAGCTATGGCATACACTGGGTCCGCCAGGC
		AAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCTGA	TCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAG
		TCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGG	TTATATGGTATGATGGAAGTAATAAGTTCC
	N	GTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTGGTT	ATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC
	A	CTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAG	ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTG
		CAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT	TATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
		ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCT	GGACTCGGCTATGTACTTCTGTGCGAGAGG
		GATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG	AAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCTTTTGA
		GAGATCAAACGA	AATCTGGGGCCAAGGGACAAAGGTCACCG
			TCTCTTCA
		SEQ ID NO: 1718	SEQ ID NO: 1875
	A	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRF	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSS
	A	LNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPSRF	YGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKFH
	A	SGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYS	ADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDS
		TLISFGQGTKLEIKR	AMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQGTKVTVSS

		SEQ ID NO: 148	SEQ ID NO: 305
		CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
		ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
		GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
		CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
	N	CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
	A	AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
		TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTG
		CGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTAT
		AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
		GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			A
		SEQ ID NO: 1719	SEQ ID NO: 1876
		QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
	A	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
	A	DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCA
		TWDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVS

	S
SEQ ID NO: 149	SEQ ID NO: 306
CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGT
TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTG
CGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTAT
AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
	A
SEQ ID NO: 1720	SEQ ID NO: 1877
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKF
A DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCA
A TWDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYYGMDVWGQGTTVTVS
	S

iPS:361503		SEQ ID NO: 150	SEQ ID NO: 307
17B11.002.003		CAGTCTGTGTTGACGGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
		TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
		CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
		ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATG	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
		AGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
		CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N		TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A		CAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGC	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
		ATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGG	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTG
		CCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAG	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTAT
		CAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGA	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
		GGGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			A
		SEQ ID NO: 1721	SEQ ID NO: 1878
		QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
		NYVSWYEQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIPD	INWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
A		RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGT	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCA
A		WDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVS
			S
		SEQ ID NO: 151	SEQ ID NO: 308

	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
	GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
	CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N	CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A	AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
	TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTG
	CGATTATTACTGCGGAACATTCGAAAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGAGTTAT
	AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
	GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
		A
	SEQ ID NO: 1722	SEQ ID NO: 1879
	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQAPGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
A	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA
A	TFESSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVS
		S
	SEQ ID NO: 152	SEQ ID NO: 309

CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTG
CGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTAT
AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
	A
SEQ ID NO: 1723	SEQ ID NO: 1880
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCA
TWDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVS
	S
SEQ ID NO: 153	SEQ ID NO: 310

	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
	GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGAACCCTAA
	CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N	CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A	AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
	TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTG
	CGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTGGGGGAGTTAT
	AGCCTGAGTGCTGTGGTATTTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
	GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
		A
	SEQ ID NO: 1724	SEQ ID NO: 1881
	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQAPGQGLEWMGWMNPNSGNTGYAQKF
A	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA
A	TWDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVWGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVS
		S
	SEQ ID NO: 154	SEQ ID NO: 311

	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAA
	GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
	CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N	CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A	AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
	TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTCAGGACACGGCCGTGTATTACTGTG
	CGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTTCGGGAGTTAT
	AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
	GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
		A
	SEQ ID NO: 1725	SEQ ID NO: 1882
	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
A	DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSQDTAVYYCA
A	TWDSSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVFGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
	SEQ ID NO: 155	SEQ ID NO: 312

	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGT
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	GAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCT
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	GCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATG
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATCA	ATATCAACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAA
	GCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTC	GGGCTTGAGTGGATGGGATGGAACCCTAA
	CTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT	CAGTGGTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCC
N	CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCC	AGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACCTCC
A	AAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGCCA	ATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCT
	TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGC	GAGATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTG
	CGATTATTACTGCGGAACATTCGAAAGC	CGAGAGGGGGGTGATTACGTTTTCGGGAGTTAT
	AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAG	CGTCCCTACTACTACTACGGTATGGACGTC
	GGACCAAACTGACCGTCCTAGGT	TGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
		A
	SEQ ID NO: 1726	SEQ ID NO: 1883
	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYD
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	INWVRQAPGQGLEWMGWMNPNSGGTGYAQKF
A	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYCG	QGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCA
A	TFESSLSAVVFGGGTKLTVLG	RGGDYVFGSYRPYYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
	SEQ ID NO: 156	SEQ ID NO: 313

iPS:362051	**5G12.005.001**	N A	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCTC CCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTC ACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACCA TTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGCAG AAACCTGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGA TCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGTGGG GTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTGGTT CTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAG CAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTT ACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCT GCTCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG GAGATCAAACGA	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCT GTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATG GCATACACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAG GGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGA TGCAAGTAATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGA AGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCT GAGAGCCGAGGACTCGGCTATGTACTTCTGTG CGAGAGGAAAAGTGGCTGGTATGCCTGAAGCT TTTGAAATCTGGGGCCAAGGGACATTGGTCAC CGTCTCTTCA
			SEQ ID NO: 1727	SEQ ID NO: 1884
		A A	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISRF LNWYQQKPGKAPKLLIYVASSLQSGVPSR FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSY STLLSFGQGTKLEIKR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGI HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKFHADAVK GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDSAMYFCAR GKVAGMPEAFEIWGQGTLVTVSS
			SEQ ID NO: 157	SEQ ID NO: 314

Bảng 4. CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3 được lấy làm ví dụ: các trình tự axit nucleic ("NA") và axit amin ("AA")

Bảng 4A. CDRL1, CDRL2, và CDRL3 được lấy làm ví dụ: các trình tự axit nucleic ("NA") và axit amin ("AA")

iPS số	Ab	Loại	CDRL1	CDRL2	CDRL3
iPS:33617 5	2C2.005	NA	TCTGGAAGTAGCTCCAACATCGGAAGTAATACTGTAAAC	ACTAATAATCAGCGGCCCTCA	GCAACATTCGATGACAGCCTGAATGGTCCGGTA
			SEQ ID NO: 2199	SEQ ID NO: 2356	SEQ ID NO: 2513
		AA	SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDDSLNGPV
			SEQ ID NO: 629	SEQ ID NO: 786	SEQ ID NO: 943
iPS:33591 4	4B1	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	CTACAGCATAATAATTACCCCTTCACT
			SEQ ID NO: 2200	SEQ ID NO: 2357	SEQ ID NO: 2514
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 630	SEQ ID NO: 787	SEQ ID NO: 944
iPS:33593 8	6H1	NA	CGGGCAAGTCAGGACATTAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	CTACAGCATAATAATTACCCCTTCACT
			SEQ ID NO: 2201	SEQ ID NO: 2358	SEQ ID NO: 2515
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 631	SEQ ID NO: 788	SEQ ID NO: 945
iPS:3 35941	2F11	NA	CAGGCGAGTCAGGACATTAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGAAACA	CAACAGTATGATATTCTCCTCACT

		SEQ ID NO: 2202	SEQ ID NO: 2359	SEQ ID NO: 2516
ipS:335970	5C2	AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 632	SEQ ID NO: 789	SEQ ID NO: 946
		NA	AAGTCCAGCCAGAGTG TTTTATCCAGCTCCAAC AATAAGAACTACATAG CT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2203	SEQ ID NO: 2360	SEQ ID NO: 2517
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 633	SEQ ID NO: 790	SEQ ID NO: 947
ipS:335978	13H12	NA	AAGTCCAGCCAGAGTG TTTTATCCAGCTCCAAC AATAAGAACTACATAG CT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2204	SEQ ID NO: 2361	SEQ ID NO: 2518
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 634	SEQ ID NO: 791	SEQ ID NO: 948
ipS:335986	11C1	NA	AAGTCCAGCCAGAGTG TTTTATCCAGCTCCAAC AATAAGAACTACTTAG CT	TGGACTTCTACCCGAGAT TCC	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG

		SEQ ID NO: 2205	SEQ ID NO: 2362	SEQ ID NO: 2519
iPS:335994	AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
		SEQ ID NO: 635	SEQ ID NO: 792	SEQ ID NO: 949
	NA	AAGTCCAGCCAGAGTG TTTTATCCAGCTCCAAC AATAAGAACTACTTAG CT	TGGACTTCTACCCGAGAT TCC	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG
		SEQ ID NO: 2206	SEQ ID NO: 2363	SEQ ID NO: 2520
12H11	AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
		SEQ ID NO: 636	SEQ ID NO: 793	SEQ ID NO: 950
	NA	AGGGCCAGTCAGAGTA TTAGTTACAGTTACTTA GCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCG CTCACT
		SEQ ID NO: 2207	SEQ ID NO: 2364	SEQ ID NO: 2521
iPS:336024	AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
		SEQ ID NO: 637	SEQ ID NO: 794	SEQ ID NO: 951
	NA	AGGGCCAGTCAGAGTG TTAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
		SEQ ID NO: 2208	SEQ ID NO: 2365	SEQ ID NO: 2522
18E3	AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
		SEQ ID NO: 638	SEQ ID NO: 795	SEQ ID NO: 952
iPS:336041				
2G10_LC1				

iPS:336077	4H9.004	NA	CGGGCAAGTCAGGGCA TTAGAAATGAGTTAGG C	GGTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CTACAGCATAATAGTTACCCA TTCACT
			SEQ ID NO: 2209	SEQ ID NO: 2366	SEQ ID NO: 2523
		AA	RASQGIRNELG	GASSLQS	LQHNSYPFT
			SEQ ID NO: 639	SEQ ID NO: 796	SEQ ID NO: 953
iPS:336088	6A5.004	NA	CAGGCGAGTCAGGACA TTACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGAG CCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
			SEQ ID NO: 2210	SEQ ID NO: 2367	SEQ ID NO: 2524
		AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
			SEQ ID NO: 640	SEQ ID NO: 797	SEQ ID NO: 954
iPS:336099	17H11.004	NA	CGGGCGAGTCAGGGTC TTATCATCTGGTTAGCC	GCTGCATCCAGTTTGCAA AGT	CAACAGACTAACAGTTTCCCT CCGACG
			SEQ ID NO: 2211	SEQ ID NO: 2368	SEQ ID NO: 2525
		AA	RASQGLIIWLA	AASSLQS	QQTNSFPPT
			SEQ ID NO: 641	SEQ ID NO: 798	SEQ ID NO: 955

iPS:359621	17H11.004.001	NA	CGGGCGAGTCAGGGTCT	GCTGCATCCAGTTTGCA
			TATCATCTGGTTAGCC	AAGT
			SEQ ID NO: 2212	SEQ ID NO: 2369
		AA	RASQGLIIWLA	AASSLQS
			SEQ ID NO: 642	SEQ ID NO: 799
iPS:359781	4H9.004.001	NA	CGGGCAAGTCAGGGCAT	GGTGCATCCAGTTTGCA
			TAGAAATGAGTTAGGC	AAGT
			SEQ ID NO: 2213	SEQ ID NO: 2370
		AA	RASQGIRNELG	GASSLQS
			SEQ ID NO: 643	SEQ ID NO: 800
iPS:360929	4H9.004.002	NA	CGGGCAAGTCAGGGCAT	GGTGCATCCAGTTTGCA
			TAGAAATGAGTTAGGC	AAGT
			SEQ ID NO: 2214	SEQ ID NO: 2371
		AA	RASQGIRNELG	GASSLQS
			SEQ ID NO: 644	SEQ ID NO: 801
iPS:360936	4H9.004.003	NA	CGGGCAAGTCAGGGCAT	GGTGCATCCAGTTTGCA
			TAGAAATGAGTTAGGC	AAGT
			SEQ ID NO: 2215	SEQ ID NO: 2372
		AA	RASQGIRNELG	GASSLQS

CAACAGACTAACAGTTTCCCT
CCGACG
SEQ ID NO: 2526
QQTNSFPPT
SEQ ID NO: 956
CTACAGCATAATAGTTACCCA
TTCACT
SEQ ID NO: 2527
LQHNSYPFT
SEQ ID NO: 957
CTACAGCATAATAGTTACCCA
TTCACT
SEQ ID NO: 2528
LQHNSYPFT
SEQ ID NO: 958
CTACAGCATAATAGTTACCCA
TTCACT
SEQ ID NO: 2529
LQHNSYPFT

		SEQ ID NO: 645	SEQ ID NO: 802	SEQ ID NO: 959
iPS:360943	4H9.004.004	CGGGCAAGTCAGGGCAT TAGAAATGAGTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTACCCA TTCACT
	NA	SEQ ID NO: 2216	SEQ ID NO: 2373	SEQ ID NO: 2530
	AA	RASQGIRNELG	GASSLQS	LQHNSYPFT
		SEQ ID NO: 646	SEQ ID NO: 803	SEQ ID NO: 960
iPS:360949	4H9.004.005	CGGGCAAGTCAGGGCAT TAGAAATGAGTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTACCCA TTCACT
	NA	SEQ ID NO: 2217	SEQ ID NO: 2374	SEQ ID NO: 2531
	AA	RASQGIRNELG	GASSLQS	LQHNSYPFT
		SEQ ID NO: 647	SEQ ID NO: 804	SEQ ID NO: 961
iPS:359761	4H9.004.006	CGGGCAAGTCAGGGCAT TAGAAATGAGTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAGTTACCCA TTCACT
	NA	SEQ ID NO: 2218	SEQ ID NO: 2375	SEQ ID NO: 2532
	AA	RASQGIRNELG	GASSLQS	LQHNSYPFT
		SEQ ID NO: 648	SEQ ID NO: 805	SEQ ID NO: 962
iPS:360955	4B1.010	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
	NA	SEQ ID NO: 2219	SEQ ID NO: 2376	SEQ ID NO: 2533
	AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
		SEQ ID NO: 649	SEQ ID NO: 806	SEQ ID NO: 963

iPS:360962	4B1.011	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2220	SEQ ID NO: 2377	SEQ ID NO: 2534
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 650	SEQ ID NO: 807	SEQ ID NO: 964
iPS:360968	4B1.012	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2221	SEQ ID NO: 2378	SEQ ID NO: 2535
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 651	SEQ ID NO: 808	SEQ ID NO: 965
iPS:360974	4B1.013	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2222	SEQ ID NO: 2379	SEQ ID NO: 2536
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 652	SEQ ID NO: 809	SEQ ID NO: 966
iPS:360978	4B1.014	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2223	SEQ ID NO: 2380	SEQ ID NO: 2537
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 653	SEQ ID NO: 810	SEQ ID NO: 967

iPS:359785	4BI.015	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2224	SEQ ID NO: 2381	SEQ ID NO: 2538
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 654	SEQ ID NO: 811	SEQ ID NO: 968
iPS:360982	4BI.016	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2225	SEQ ID NO: 2382	SEQ ID NO: 2539
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 655	SEQ ID NO: 812	SEQ ID NO: 969
iPS:335922	18F2	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2226	SEQ ID NO: 2383	SEQ ID NO: 2540
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 656	SEQ ID NO: 813	SEQ ID NO: 970
iPS:360986	18F2.002	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2227	SEQ ID NO: 2384	SEQ ID NO: 2541
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 657	SEQ ID NO: 814	SEQ ID NO: 971

iPS:360995	18F2.003	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2228	SEQ ID NO: 2385	SEQ ID NO: 2542
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 658	SEQ ID NO: 815	SEQ ID NO: 972
iPS:360999	18F2.004	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2229	SEQ ID NO: 2386	SEQ ID NO: 2543
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 659	SEQ ID NO: 816	SEQ ID NO: 973
iPS:361005	18F2.005	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2230	SEQ ID NO: 2387	SEQ ID NO: 2544
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 660	SEQ ID NO: 817	SEQ ID NO: 974
iPS:361009	18F2.006	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2231	SEQ ID NO: 2388	SEQ ID NO: 2545
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 661	SEQ ID NO: 818	SEQ ID NO: 975

iPS:361013		18F2.007	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
	NA		SEQ ID NO: 2232	SEQ ID NO: 2389	SEQ ID NO: 2546
	AA		RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 662	SEQ ID NO: 819	SEQ ID NO: 976
iPS:361017		18F2.008	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
	NA		SEQ ID NO: 2233	SEQ ID NO: 2390	SEQ ID NO: 2547
	AA		RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 663	SEQ ID NO: 820	SEQ ID NO: 977
iPS:361021		18F2.009	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
	NA		SEQ ID NO: 2234	SEQ ID NO: 2391	SEQ ID NO: 2548
	AA		RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 664	SEQ ID NO: 821	SEQ ID NO: 978
iPS:361028		18F2.010	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
	NA		SEQ ID NO: 2235	SEQ ID NO: 2392	SEQ ID NO: 2549
	AA		RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 665	SEQ ID NO: 822	SEQ ID NO: 979

iPS:360535	18F2.011	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2236	SEQ ID NO: 2393	SEQ ID NO: 2550
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 666	SEQ ID NO: 823	SEQ ID NO: 980
iPS:361035	18F2.012	NA	CGGGCAAGTCAGGACCT TAGAAATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2237	SEQ ID NO: 2394	SEQ ID NO: 2551
		AA	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 667	SEQ ID NO: 824	SEQ ID NO: 981
iPS:359940	2F11.002	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2238	SEQ ID NO: 2395	SEQ ID NO: 2552
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 668	SEQ ID NO: 825	SEQ ID NO: 982
iPS:361039	2F11.003	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2239	SEQ ID NO: 2396	SEQ ID NO: 2553
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 669	SEQ ID NO: 826	SEQ ID NO: 983

iPS:361043	2F11.004	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2240	SEQ ID NO: 2397	SEQ ID NO: 2554
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 670	SEQ ID NO: 827	SEQ ID NO: 984
iPS:361049	2F11.005	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2241	SEQ ID NO: 2398	SEQ ID NO: 2555
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 671	SEQ ID NO: 828	SEQ ID NO: 985
iPS:361055	2F11.006	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2242	SEQ ID NO: 2399	SEQ ID NO: 2556
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 672	SEQ ID NO: 829	SEQ ID NO: 986
iPS:361059	2F11.007	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2243	SEQ ID NO: 2400	SEQ ID NO: 2557
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 673	SEQ ID NO: 830	SEQ ID NO: 987

iPS:361063	2F11.008	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2244	SEQ ID NO: 2401	SEQ ID NO: 2558
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 674	SEQ ID NO: 831	SEQ ID NO: 988
iPS:359949	2F11.009	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2245	SEQ ID NO: 2402	SEQ ID NO: 2559
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 675	SEQ ID NO: 832	SEQ ID NO: 989
iPS:359956	2F11.010	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TAGCAACTATTTAAAT	GATGCATCCAATTTGGA AACA	CAACAGTATGATATTCTCCTC ACT
			SEQ ID NO: 2246	SEQ ID NO: 2403	SEQ ID NO: 2560
		AA	QASQDISNYLN	DASNLET	QQYDILLT
			SEQ ID NO: 676	SEQ ID NO: 833	SEQ ID NO: 990
iPS:359865	6H1.002	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2247	SEQ ID NO: 2404	SEQ ID NO: 2561
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 677	SEQ ID NO: 834	SEQ ID NO: 991

iPS:359869	6H1.003	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2248	SEQ ID NO: 2405	SEQ ID NO: 2562
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 678	SEQ ID NO: 835	SEQ ID NO: 992
iPS:359873	6H1.004	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2249	SEQ ID NO: 2406	SEQ ID NO: 2563
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 679	SEQ ID NO: 836	SEQ ID NO: 993
iPS:359877	6H1.005	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2250	SEQ ID NO: 2407	SEQ ID NO: 2564
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 680	SEQ ID NO: 837	SEQ ID NO: 994
iPS:361067	6H1.006	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
			SEQ ID NO: 2251	SEQ ID NO: 2408	SEQ ID NO: 2565
		AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
			SEQ ID NO: 681	SEQ ID NO: 838	SEQ ID NO: 995

iPS:361071	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
		SEQ ID NO: 2252	SEQ ID NO: 2409	SEQ ID NO: 2566
	AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
		SEQ ID NO: 682	SEQ ID NO: 839	SEQ ID NO: 996
iPS:361075	NA	CGGGCAAGTCAGGACAT TAGAGATTATTTAGGC	GGTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CTACAGCATAATAATTACCCC TTCACT
		SEQ ID NO: 2253	SEQ ID NO: 2410	SEQ ID NO: 2567
	AA	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
		SEQ ID NO: 683	SEQ ID NO: 840	SEQ ID NO: 997
iPS:361079	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2254	SEQ ID NO: 2411	SEQ ID NO: 2568
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 684	SEQ ID NO: 841	SEQ ID NO: 998
iPS:361085	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2255	SEQ ID NO: 2412	SEQ ID NO: 2569
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 685	SEQ ID NO: 842	SEQ ID NO: 999

iPS:361091	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2256	SEQ ID NO: 2413	SEQ ID NO: 2570
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 686	SEQ ID NO: 843	SEQ ID NO: 1000
iPS:361095	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2257	SEQ ID NO: 2414	SEQ ID NO: 2571
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 687	SEQ ID NO: 844	SEQ ID NO: 1001
iPS:361101	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2258	SEQ ID NO: 2415	SEQ ID NO: 2572
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 688	SEQ ID NO: 845	SEQ ID NO: 1002
iPS:361105	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2259	SEQ ID NO: 2416	SEQ ID NO: 2573
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 689	SEQ ID NO: 846	SEQ ID NO: 1003

6AS.004.003	
6AS.004.004	
6AS.004.005	
6AS.004.006	

iPS:359896	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2260	SEQ ID NO: 2417	SEQ ID NO: 2574
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 690	SEQ ID NO: 847	SEQ ID NO: 1004
iPS:361109	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2261	SEQ ID NO: 2418	SEQ ID NO: 2575
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 691	SEQ ID NO: 848	SEQ ID NO: 1005
iPS:361113	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2262	SEQ ID NO: 2419	SEQ ID NO: 2576
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 692	SEQ ID NO: 849	SEQ ID NO: 1006
iPS:361120	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2263	SEQ ID NO: 2420	SEQ ID NO: 2577
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 693	SEQ ID NO: 850	SEQ ID NO: 1007
		6A5.004.007	6A5.004.008	6A5.004.009	6A5.004.010

iPS:359890	NA	CAGGCGAGTCAGGACAT TACCAACTATTTAAAT	GATGCTTCCAATTTGGA GCCA	CAACAGTATGATCTATTC ACT
		SEQ ID NO: 2264	SEQ ID NO: 2421	SEQ ID NO: 2578
	AA	QASQDITNYLN	DASNLEP	QQYDDLFT
		SEQ ID NO: 694	SEQ ID NO: 851	SEQ ID NO: 1008
iPS:359567	NA	AGGGCCAGTCAGATTTTT ACCAGCACCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACCT CGC
		SEQ ID NO: 2265	SEQ ID NO: 2422	SEQ ID NO: 2579
	AA	RASQIFTSTYLA	GASSRAT	QQYGSSPR
		SEQ ID NO: 695	SEQ ID NO: 852	SEQ ID NO: 1009
iPS:335965	NA	AGGGCCAGTCAGATTTTT ACCAGCACCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACCT CGC
		SEQ ID NO: 2266	SEQ ID NO: 2423	SEQ ID NO: 2580
	AA	RASQIFTSTYLA	GASSRAT	QQYGSSPR
		SEQ ID NO: 696	SEQ ID NO: 853	SEQ ID NO: 1010
iPS:361158	NA	AGGGCCAGTCAGATTTTT ACCAGCACCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACCT CGC
		SEQ ID NO: 2267	SEQ ID NO: 2424	SEQ ID NO: 2581
	AA	RASQIFTSTYLA	GASSRAT	QQYGSSPR
		SEQ ID NO: 697	SEQ ID NO: 854	SEQ ID NO: 1011

iPS:361165	2A11.005	NA	AGGGCCAGTCAGATTTTT ACCAGCACCTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGCTCACCT CGC
			SEQ ID NO: 2268	SEQ ID NO: 2425	SEQ ID NO: 2582
		AA	RASQIFTSTYLA	GASSRAT	QQYGSSPR
			SEQ ID NO: 698	SEQ ID NO: 855	SEQ ID NO: 1012
iPS:361172	2G10_LC1.003	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2269	SEQ ID NO: 2426	SEQ ID NO: 2583
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 699	SEQ ID NO: 856	SEQ ID NO: 1013
iPS:361178	2G10_LC1.004	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2270	SEQ ID NO: 2427	SEQ ID NO: 2584
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 700	SEQ ID NO: 857	SEQ ID NO: 1014
iPS:361185	2G10_LC1.005	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2271	SEQ ID NO: 2428	SEQ ID NO: 2585
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 701	SEQ ID NO: 858	SEQ ID NO: 1015

iPS:361192	2G10_LC1.006	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2272	SEQ ID NO: 2429	SEQ ID NO: 2586
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 702	SEQ ID NO: 859	SEQ ID NO: 1016
iPS:359609	2G10_LC1.007	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTTCCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2273	SEQ ID NO: 2430	SEQ ID NO: 2587
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNFPLT
			SEQ ID NO: 703	SEQ ID NO: 860	SEQ ID NO: 1017
iPS:359615	2G10_LC1.008	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTATCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2274	SEQ ID NO: 2431	SEQ ID NO: 2588
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNYPLT
			SEQ ID NO: 704	SEQ ID NO: 861	SEQ ID NO: 1018
iPS:361196	2G10_LC1.009	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2275	SEQ ID NO: 2432	SEQ ID NO: 2589
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 705	SEQ ID NO: 862	SEQ ID NO: 1019

iPS:361202	2G10_LC1.010	NA	AGGGCCAGTCAGAGTGT TAGCAGCAACTTAGCC	GGTGCAGCCACCCAGGGC CACT	CAGCAGTATAATAACTGGCCT CTCACT
			SEQ ID NO: 2276	SEQ ID NO: 2433	SEQ ID NO: 2590
		AA	RASQSVSSNLA	GAATRAT	QQYNNWPLT
			SEQ ID NO: 706	SEQ ID NO: 863	SEQ ID NO: 1020
iPS:359644	18E3.002	NA	AGGGCCAGTCAGAGTAT TAGTTACAGTTACTTAGC C	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCG CTCACT
			SEQ ID NO: 2277	SEQ ID NO: 2434	SEQ ID NO: 2591
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 707	SEQ ID NO: 864	SEQ ID NO: 1021
iPS:361206	18E3.003	NA	AGGGCCAGTCAGAGTAT TAGTTACAGTTACTTAGC C	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCG CTCACT
			SEQ ID NO: 2278	SEQ ID NO: 2435	SEQ ID NO: 2592
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 708	SEQ ID NO: 865	SEQ ID NO: 1022
iPS:359628	18E3.004	NA	AGGGCCAGTCAGAGTAT TAGTTACAGTTACTTAGC C	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCG CTCACT
			SEQ ID NO: 2279	SEQ ID NO: 2436	SEQ ID NO: 2593

iPS:359637	18E3.005	AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 709	SEQ ID NO: 866	SEQ ID NO: 1023
		NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAGTTACAGTTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCGCTCACT
			SEQ ID NO: 2280	SEQ ID NO: 2437	SEQ ID NO: 2594
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 710	SEQ ID NO: 867	SEQ ID NO: 1024
iPS:361210	18E3.006	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAGTTACAGTTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCGCTCACT
			SEQ ID NO: 2281	SEQ ID NO: 2438	SEQ ID NO: 2595
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 711	SEQ ID NO: 868	SEQ ID NO: 1025
iPS:361214	18E3.007	NA	AGGGCCAGTCAGAGTATTAGTTACAGTTACTTAGCC	GGTGCATCCAGCAGGGCCACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCGCTCACT
			SEQ ID NO: 2282	SEQ ID NO: 2439	SEQ ID NO: 2596
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 712	SEQ ID NO: 869	SEQ ID NO: 1026

iPS:361218	18E3.008	NA	AGGGCCAGTCAGAGTAT TAGTTACAGTTACTTAGC C	GGTGCATCCAGCAGGGC CACT	CAGCAGTATGGTAGTTCACCG CTCACT
			SEQ ID NO: 2283	SEQ ID NO: 2440	SEQ ID NO: 2597
		AA	RASQSISYSYLA	GASSRAT	QQYGSSPLT
			SEQ ID NO: 713	SEQ ID NO: 870	SEQ ID NO: 1027
iPS:361222	5C2.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACAA TAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2284	SEQ ID NO: 2441	SEQ ID NO: 2598
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 714	SEQ ID NO: 871	SEQ ID NO: 1028
iPS:361229	5C2.007	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACAA TAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2285	SEQ ID NO: 2442	SEQ ID NO: 2599
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 715	SEQ ID NO: 872	SEQ ID NO: 1029
iPS:36123 6	5C2.008	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACAA TAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG

		SEQ ID NO: 2286	SEQ ID NO: 2443	SEQ ID NO: 2600
iPS:359685	SC2.009	AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 716	SEQ ID NO: 873	SEQ ID NO: 1030
		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACAA TAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2287	SEQ ID NO: 2444	SEQ ID NO: 2601
iPS:361240	SC2.010	AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 718	SEQ ID NO: 875	SEQ ID NO: 1032
		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACAA TAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2288	SEQ ID NO: 2445	SEQ ID NO: 2602
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 718	SEQ ID NO: 875	SEQ ID NO: 1032

iPS:361247	5C2.011	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCC AGCTCCAACAATAAGAACTACATA GCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2289	SEQ ID NO: 2446	SEQ ID NO: 2603
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 719	SEQ ID NO: 876	SEQ ID NO: 1033
iPS:361254	5C2.012	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCC AGCTCCAACAATAAGAACTACATA GCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2290	SEQ ID NO: 2447	SEQ ID NO: 2604
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 720	SEQ ID NO: 877	SEQ ID NO: 1034
iPS:361261	5C2.013	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCC AGCTCCAACAATAAGAACTACATA GCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2291	SEQ ID NO: 2448	SEQ ID NO: 2605
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 721	SEQ ID NO: 878	SEQ ID NO: 1035

jPS:361268	SC2.014	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTATCC AGCTCCAACAATAAGAACTACATA GCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2292	SEQ ID NO: 2449	SEQ ID NO: 2606
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 722	SEQ ID NO: 879	SEQ ID NO: 1036
jPS:359669	SC2.015	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTATCC AGCTCCAACAATAAGAACTACATA GCT	TGGGCATCTACCCGGGA ATCC	CAACAATATTATAGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2293	SEQ ID NO: 2450	SEQ ID NO: 2607
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 723	SEQ ID NO: 880	SEQ ID NO: 1037

iPS:359678	5C2.016	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTT TTATCCAGCTCCAACAAT AAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAA TCC
			SEQ ID NO: 2294	SEQ ID NO: 2451
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES
			SEQ ID NO: 724	SEQ ID NO: 881
iPS:361275	11C1.002	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTT TTATCCAGCTCCAACAAT AAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAA TCC
			SEQ ID NO: 2295	SEQ ID NO: 2452
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES
			SEQ ID NO: 725	SEQ ID NO: 882
iPS:361282	11C1.003	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTT TTATCCAGCTCCAACAAT AAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAA TCC
			SEQ ID NO: 2296	SEQ ID NO: 2453
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES
			SEQ ID NO: 726	SEQ ID NO: 883

iPS:359678	5C2.016	NA	CAACAATATTATAGTACTCCGTGG ACG
			SEQ ID NO: 2608
		AA	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 1038
iPS:361275	11C1.002	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCGTGG ACG
			SEQ ID NO: 2609
		AA	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 1039
iPS:361282	11C1.003	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCGTGG ACG
			SEQ ID NO: 2610
		AA	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 1040

jPS:361289	11C1.004	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTT TTATCCAGCTCCAACAAT AAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATT CC
			SEQ ID NO: 2297	SEQ ID NO: 2454
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS
			SEQ ID NO: 727	SEQ ID NO: 884
jPS:359712	11C1.005	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTT TTATCCAGCTCCAACAAT AAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAA TCC
			SEQ ID NO: 2298	SEQ ID NO: 2455
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES
			SEQ ID NO: 728	SEQ ID NO: 885

jPS:361289	11C1.004	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCGTGG ACG
			SEQ ID NO: 2611
		AA	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 1041
jPS:359712	11C1.005	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCGTGG ACG
			SEQ ID NO: 2612
		AA	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 1042

iPS:361293	11C1.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT TATCCAGCTCCAACAATAA GAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAAT CC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2299	SEQ ID NO: 2456	SEQ ID NO: 2613
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 729	SEQ ID NO: 886	SEQ ID NO: 1043
iPS:361297	11C1.007	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT TATCCAGCTCCAACAATAA GAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATT CC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2300	SEQ ID NO: 2457	SEQ ID NO: 2614
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 730	SEQ ID NO: 887	SEQ ID NO: 1044
iPS:361301	11C1.008	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT TATCCAGCTCCAACAATAA GAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATT CC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2301	SEQ ID NO: 2458	SEQ ID NO: 2615
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 731	SEQ ID NO: 888	SEQ ID NO: 1045

iPS:359703	11C1.009	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT TATCCAGCTCCAACAATAA GAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAAT CC
			SEQ ID NO: 2302	SEQ ID NO: 2459
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES
			SEQ ID NO: 732	SEQ ID NO: 889
iPS:361305	11C1.010	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTT TATCCAGCTCCAACAATAA GAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAAT CC
			SEQ ID NO: 2303	SEQ ID NO: 2460
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES
			SEQ ID NO: 733	SEQ ID NO: 890

CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG	
SEQ ID NO: 2616	
QQYYRTPWT	
SEQ ID NO: 1046	
CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG	
SEQ ID NO: 2617	
QQYYRTPWT	
SEQ ID NO: 1047	

iPS:361312	13H12.002	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2304	SEQ ID NO: 2461	SEQ ID NO: 2618
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 734	SEQ ID NO: 891	SEQ ID NO: 1048
iPS:359744	13H12.003	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2305	SEQ ID NO: 2462	SEQ ID NO: 2619
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 735	SEQ ID NO: 892	SEQ ID NO: 1049
iPS:361319	13H12.004	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAATCC	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2306	SEQ ID NO: 2463	SEQ ID NO: 2620
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 736	SEQ ID NO: 893	SEQ ID NO: 1050

iPS:359737	13H12.005	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAATCC
			SEQ ID NO: 2307	SEQ ID NO: 2464
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES
			SEQ ID NO: 737	SEQ ID NO: 894
iPS:361326	13H12.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACATAGCT	TGGGCATCTACCCGGGAATCC
			SEQ ID NO: 2308	SEQ ID NO: 2465
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYIA	WASTRES
			SEQ ID NO: 738	SEQ ID NO: 895
iPS:361330	12H11.002	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATTCC
			SEQ ID NO: 2309	SEQ ID NO: 2466
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS
			SEQ ID NO: 739	SEQ ID NO: 896
iPS:361333	12H11.003	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATTCC

iPS:359737	13H12.005	NA	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2621
		AA	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 1051
iPS:361326	13H12.006	NA	CAACAATATTATAGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2622
		AA	QQYYSTPWT
			SEQ ID NO: 1052
iPS:361330	12H11.002	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2623
		AA	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 1053
iPS:361333	12H11.003	NA	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG

iPS:361344	12H11.004	AA	SEQ ID NO: 2310	SEQ ID NO: 2467	SEQ ID NO: 2624
			KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 740	SEQ ID NO: 897	SEQ ID NO: 1054
		NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATTCC	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2311	SEQ ID NO: 2468	SEQ ID NO: 2625
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 741	SEQ ID NO: 898	SEQ ID NO: 1055
iPS:361351	12H11.005	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATTCC	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2312	SEQ ID NO: 2469	SEQ ID NO: 2626
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 742	SEQ ID NO: 899	SEQ ID NO: 1056
iPS:361358	12H11.006	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGT TTTATCCAGCTCCAACA ATAAGAACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGATTCC	CAGCAATATTATCGTACTCCG TGGACG
			SEQ ID NO: 2313	SEQ ID NO: 2470	SEQ ID NO: 2627
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 743	SEQ ID NO: 900	SEQ ID NO: 1057

iPS:361365	12H11.007	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA C ACTACTTAGCT TGGACTTCTACCCGAGATTC CAGCAATATTATCGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2314 SEQ ID NO: 2471 SEQ ID NO: 2628
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA WTSTRDS QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 744 SEQ ID NO: 901 SEQ ID NO: 1058
iPS:361372	12H11.008	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA C ACTACTTAGCT TGGACTTCTACCCGAGATTC CAGCAATATTATCGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2315 SEQ ID NO: 2472 SEQ ID NO: 2629
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA WTSTRDS QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 745 SEQ ID NO: 902 SEQ ID NO: 1059
iPS:361379	12H11.009	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA C ACTACTTAGCT TGGACTTCTACCCGAGAATC CAGCAATATTATCGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2316 SEQ ID NO: 2473 SEQ ID NO: 2630
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA WTSTRES QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 746 SEQ ID NO: 903 SEQ ID NO: 1060

iPS:361383	12H11.010	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAATC C	CAGCAATATTATCGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2317	SEQ ID NO: 2474	SEQ ID NO: 2631
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 747	SEQ ID NO: 904	SEQ ID NO: 1061
iPS:361387	12H11.011	NA	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAGA ACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGAATC C	CAGCAATATTATCGTACTCC GTGGACG
			SEQ ID NO: 2318	SEQ ID NO: 2475	SEQ ID NO: 2632
		AA	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES	QQYYRTPWT
			SEQ ID NO: 748	SEQ ID NO: 905	SEQ ID NO: 1062

iPS:361391	12H11.012	N	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAG AACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGA ATCC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2319	SEQ ID NO: 2476	SEQ ID NO: 2633
		A	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES	QQYYRTPWT
		A	SEQ ID NO: 749	SEQ ID NO: 906	SEQ ID NO: 1063
iPS:361395	12H11.013	N	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAG AACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGA TTCC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2320	SEQ ID NO: 2477	SEQ ID NO: 2634
		A	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRDS	QQYYRTPWT
		A	SEQ ID NO: 750	SEQ ID NO: 907	SEQ ID NO: 1064
iPS:361402	12H11.014	N	AAGTCCAGCCAGAGTGTTTT ATCCAGCTCCAACAATAAG AACTACTTAGCT	TGGACTTCTACCCGAGA ATCC	CAGCAATATTATCGTACTCCGT GGACG
			SEQ ID NO: 2321	SEQ ID NO: 2478	SEQ ID NO: 2635
		A	KSSQSVLSSSNNKNYLA	WTSTRES	QQYYRTPWT
		A	SEQ ID NO: 751	SEQ ID NO: 908	SEQ ID NO: 1065

IPS:361406	2C2.005.001	NA	TCTGGAAGTAGCTCCAACAT CGGAAGTCAAAACTGTAAAC
			SEQ ID NO: 2322
		AA	SGSSSNIGSQTVN
		AA	SEQ ID NO: 752
IPS:361412	2C2.005.002	NA	TCTGGAAGTAGCTCCAACAT CGGAAGTCAAAACTGTAAAC
			SEQ ID NO: 2323
		AA	SGSSSNIGSQTVN
		AA	SEQ ID NO: 753
			ACTAATAATCAGCGGCC CTCA
			SEQ ID NO: 2479
			TNNQRPS
			SEQ ID NO: 909
			ACTAATAATCAGCGGCC CTCA
			SEQ ID NO: 2480
			TNNQRPS
			SEQ ID NO: 910
			GCAACATTCGATGAAAGCCTG AGTGGTCCGGTA
			SEQ ID NO: 2636
			ATFDESLSGPV
			SEQ ID NO: 1066
			GCAACATTCGATGAAAGCCTG CAAGGTCCGGTA
			SEQ ID NO: 2637
			ATFDESLQGPV
			SEQ ID NO: 1067

iPS:361418	2C2.005.003	N	TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC
			TCGGAAGTAATTATGTAAA	CTCA
		A	C	
			SEQ ID NO: 2324	SEQ ID NO: 2481
		A	SGSSSNIGSNYVN	TNNQRPS
		A	SEQ ID NO: 754	SEQ ID NO: 911
iPS:361424	2C2.005.004	N	TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC
			TCGGAAGTAATTATGTAAA	CTCA
		A	C	
			SEQ ID NO: 2325	SEQ ID NO: 2482
		A	SGSSSNIGSNYVN	TNNQRPS
		A	SEQ ID NO: 755	SEQ ID NO: 912
iPS:361430	2C2.005.005	N	TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC
			TCGGAAGTCAAACTGTAAA	CTCA
		A	C	
			SEQ ID NO: 2326	SEQ ID NO: 2483
		A	SGSSSNIGSQTVN	TNNQRPS
		A	SEQ ID NO: 756	SEQ ID NO: 913

			GCAACATTCGATGAAAGCCT
			GAGTGGTCCGGGTA
			SEQ ID NO: 2638
			ATFDESLSGPV
			SEQ ID NO: 1068
			GCAACATTCGATGAAAGCCT
			GCAAGGTCCGGGTA
			SEQ ID NO: 2639
			ATFDESLQGPV
			SEQ ID NO: 1069
			GCAACATTCGATGACAGCCT
			GAATGGTCCGGGTA
			SEQ ID NO: 2640
			ATFDDSLNGPV
			SEQ ID NO: 1070

		TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATGACAGCCT
iPS:361436	2C2.005.006	N TCGGAAGTAATTATGTAAA	CTCA	GAATGGTCCGGTA
		A C		
		SEQ ID NO: 2327	SEQ ID NO: 2484	SEQ ID NO: 2641
		A SGSSSNIGSNYVN	TNNQRPS	ATFDDSLNGPV
		A SEQ ID NO: 757	SEQ ID NO: 914	SEQ ID NO: 1071
		TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATGAAAGCCT
iPS:361442	2C2.005.007	N TCGGAAGTAATACTGTAAA	CTCA	GAATGGTCCGGTA
		A C		
		SEQ ID NO: 2328	SEQ ID NO: 2485	SEQ ID NO: 2642
		A SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDESLNGPV
		A SEQ ID NO: 758	SEQ ID NO: 915	SEQ ID NO: 1072
		TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATGACAGCCT
iPS:361448	2C2.005.008	N TCGGAAGTAATACTGTAAA	CTCA	GCAAGGTCCGGTA
		A C		
		SEQ ID NO: 2329	SEQ ID NO: 2486	SEQ ID NO: 2643
		A SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDDSLQGPV
		A SEQ ID NO: 759	SEQ ID NO: 916	SEQ ID NO: 1073
		TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATGACAGCCT
iPS:361454	2C2.005.0 09	N TCGGAAGTAATACTGTAAA	CTCA	GAGTGGTCCGGTA
		A C		

		SEQ ID NO: 2330	SEQ ID NO: 2487	SEQ ID NO: 2644
	A	SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDDSLSGPV
	A	SEQ ID NO: 760	SEQ ID NO: 917	SEQ ID NO: 1074
iPS:361460	N A A	TCTGGAAGTAGCTCCAACA TCGGAAGTAATACTGTAAA C	ACTAATAATCAGCGGCC CTCA	GCAACATTCGATGACAGCCT GAATGCTCCGGTA
2C2.005.010		SEQ ID NO: 2331	SEQ ID NO: 2488	SEQ ID NO: 2645
	A	SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDDSLNAPV
	A	SEQ ID NO: 761	SEQ ID NO: 918	SEQ ID NO: 1075
iPS:361466	N A A	TCTGGAAGTAGCTCCAACA TCGGAAGTAATACTGTAAA C	ACTAATAATCAGCGGCC CTCA	GCAACATTCGATAGCAGCCT GAATGGTCCGGTA
2C2.005.011		SEQ ID NO: 2332	SEQ ID NO: 2489	SEQ ID NO: 2646
	A	SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDSSLNGPV
	A	SEQ ID NO: 762	SEQ ID NO: 919	SEQ ID NO: 1076
iPS:361472	N A A	TCTGGAAGTAGCTCCAACA TCGGAAGTAATTATGTAAA C	ACTAATAATCAGCGGCC CTCA	GCAACATTCGATAGCAGCCT GAATGCTCCGGTA
2C2.005.012		SEQ ID NO: 2333	SEQ ID NO: 2490	SEQ ID NO: 2647
	A	SGSSSNIGSNYVN	TNNQRPS	ATFDSSLNAPV
	A	SEQ ID NO: 763	SEQ ID NO: 920	SEQ ID NO: 1077

iPS:361478	2C2.005.013	TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATAGCAGCCT
	N	TCGGAAGTAATTATGTAAA	CTCA	GAATGCTCCGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2334	SEQ ID NO: 2491	SEQ ID NO: 2648
	A	SGSSSNIGSNYVN	TNNQRPS	ATFDSSLNAPV
	A	SEQ ID NO: 764	SEQ ID NO: 921	SEQ ID NO: 1078
iPS:361485	2C2.005.014	TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATGAAAGCCT
	N	TCGGAAGTCAAACTGTAAA	CTCA	GAGTGGTCCGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2335	SEQ ID NO: 2492	SEQ ID NO: 2649
	A	SGSSSNIGSQTVN	TNNQRPS	ATFDESLSGPV
	A	SEQ ID NO: 765	SEQ ID NO: 922	SEQ ID NO: 1079
iPS:361845	18F2.013	CGGGCAAGTCAGGACCTTA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATAATTACCC
	N	GAAATTATTTAGGC	AAGT	CTTCACT
	A			
		SEQ ID NO: 2336	SEQ ID NO: 2493	SEQ ID NO: 2650
	A	RASQDLRNYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT
	A	SEQ ID NO: 766	SEQ ID NO: 923	SEQ ID NO: 1080
iPS:361851	6H1.009	CGGGCAAGTCAGGACATTA	GGTGCATCCAGTTTGCA	CTACAGCATAATAATTACCC
	N	GAGATTATTTAGGC	AAGT	CTTCACT
	A			
		SEQ ID NO: 2337	SEQ ID NO: 2494	SEQ ID NO: 2651
	A	RASQDIRDYLG	GASSLQS	LQHNNYPFT

	A	SEQ ID NO: 767	SEQ ID NO: 924	SEQ ID NO: 1081
iPS:361855		TCTGGAAGTAGCTCCAACA	ACTAATAATCAGCGGCC	GCAACATTCGATAGCAGCCT
	N	TCGGAAGTAATACTGTAAA	CTCA	GAGTGGTCCGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2338	SEQ ID NO: 2495	SEQ ID NO: 2652
2C2.005.015	A	SGSSSNIGSNTVN	TNNQRPS	ATFDSSLSGPV
	A	SEQ ID NO: 768	SEQ ID NO: 925	SEQ ID NO: 1082
iPS:336067		CGGGCAAGTCAGACCATTA	GTTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCT
	N	GCAGGTTTTTAAAT	AAGT	GATCAGT
	A	SEQ ID NO: 2339	SEQ ID NO: 2496	SEQ ID NO: 2653
5G12.006	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS
	A	SEQ ID NO: 769	SEQ ID NO: 926	SEQ ID NO: 1083
iPS:336169		TCTGGAAGCAGCTCCAACA	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
	N	TTGGAAATAATTATGTATC	CTCA	GAGTGCTGTGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2340	SEQ ID NO: 2497	SEQ ID NO: 2654
17B11.002	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 770	SEQ ID NO: 927	SEQ ID NO: 1084
iPS:36112 7 5G12.006. 001		CGGGCAAGTCAGACCATTA	GTTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCT
	N	GCAGGTTTTTAAAT	AAGT	GATCAGT
	A	SEQ ID NO: 2341	SEQ ID NO: 2498	SEQ ID NO: 2655

	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS	
	A	SEQ ID NO: 771	SEQ ID NO: 928	SEQ ID NO: 1085	
iPS:361136	N	CGGGCAAGTCAGACCATTA GCAGGTTTTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCT GATCAGT	5G12.006.002
	A	SEQ ID NO: 2342	SEQ ID NO: 2499	SEQ ID NO: 2656	
	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS	
	A	SEQ ID NO: 772	SEQ ID NO: 929	SEQ ID NO: 1086	
iPS:361140	N	CGGGCAAGTCAGACCATTA GCAGGTTTTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCT GATCAGT	5G12.006.003
	A	SEQ ID NO: 2343	SEQ ID NO: 2500	SEQ ID NO: 2657	
	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS	
	A	SEQ ID NO: 773	SEQ ID NO: 930	SEQ ID NO: 1087	
iPS:359919	N	CGGGCAAGTCAGACCATTA GCAGGTTTTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCT GATCAGT	5G12.006.004
	A	SEQ ID NO: 2344	SEQ ID NO: 2501	SEQ ID NO: 2658	
	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS	
	A	SEQ ID NO: 774	SEQ ID NO: 931	SEQ ID NO: 1088	
iPS:361144	N	CGGGCAAGTCAGACCATTA GCAGGTTTTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCA AAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCT GATCAGT	5G12.006.005
	A	SEQ ID NO: 2345	SEQ ID NO: 2502	SEQ ID NO: 2659	
	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS	

	A	SEQ ID NO: 775	SEQ ID NO: 932	SEQ ID NO: 1089
iPS:361151	N	CGGGCAAGTCAGACCATTA	GTTGCATCCAGTTTGCA	CAACAGAGTTACAGTACCCT
	A	GCAGGTTTTTAAAT	AAGT	GATCAGT
	A	SEQ ID NO: 2346	SEQ ID NO: 2503	SEQ ID NO: 2660
	A	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLIS
	A	SEQ ID NO: 776	SEQ ID NO: 933	SEQ ID NO: 1090
iPS:361491	N	TCTGGAAGCAGCTCCAACA	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
	A	TTGGAAATAATTATGTATC	CTCA	GAGTGCTGTGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2347	SEQ ID NO: 2504	SEQ ID NO: 2661
	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 777	SEQ ID NO: 934	SEQ ID NO: 1091
iPS:361499	N	TCTGGAAGCAGCTCCAACA	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
	A	TTGGAAATAATTATGTATC	CTCA	GAGTGCTGTGGTA
	A	C		
		SEQ ID NO: 2348	SEQ ID NO: 2505	SEQ ID NO: 2662
	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 778	SEQ ID NO: 935	SEQ ID NO: 1092
iPS:361503	N	TCTGGAAGCAGCTCCAACA	GACAATAATAAGCGACC	GGAACATGGGATAGCAGCCT
	A	TTGGAAATAATTATGTATC	CTCA	GAGTGCTGTGGTA
	A	C		

		SEQ ID NO: 2349	SEQ ID NO: 2506	SEQ ID NO: 2663
iPS:361507	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 779	SEQ ID NO: 936	SEQ ID NO: 1093
17B11.002.004	N A A	TCTGGAAGCAGCTCCAACA TTGGAAATAATTATGTATC C	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATTCGAAAGCAGCCT GAGTGCTGTGGTA
		SEQ ID NO: 2350	SEQ ID NO: 2507	SEQ ID NO: 2664
iPS:361514	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTFESSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 780	SEQ ID NO: 937	SEQ ID NO: 1094
17B11.002.005	N A A	TCTGGAAGCAGCTCCAACA TTGGAAATAATTATGTATC C	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGCTGTGGTA
		SEQ ID NO: 2351	SEQ ID NO: 2508	SEQ ID NO: 2665
iPS:361514	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 781	SEQ ID NO: 938	SEQ ID NO: 1095
17B11.002.006	N A A	TCTGGAAGCAGCTCCAACA TTGGAAATAATTATGTATC C	GACAATAATAAGCGACC CTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCT GAGTGCTGTGGTA
		SEQ ID NO: 2352	SEQ ID NO: 2509	SEQ ID NO: 2666
iPS:360582	A	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
	A	SEQ ID NO: 782	SEQ ID NO: 939	SEQ ID NO: 1096

iPS:361518	17B11.002.007	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGAAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACCCTCA	GGAACATGGGATAGCAGCCTGAGTGCTGTGGTA
			SEQ ID NO: 2353	SEQ ID NO: 2510	SEQ ID NO: 2667
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTWDSSLSAVV
			SEQ ID NO: 783	SEQ ID NO: 940	SEQ ID NO: 1097
iPS:360570	17B11.002.008	NA	TCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGAAATAATTATGTATCC	GACAATAATAAGCGACCCTCA	GGAACATTCGAAAGCAGCCTGAGTGCTGTGGTA
			SEQ ID NO: 2354	SEQ ID NO: 2511	SEQ ID NO: 2668
		AA	SGSSSNIGNNYVS	DNNKRPS	GTFESSLSAVV
			SEQ ID NO: 784	SEQ ID NO: 941	SEQ ID NO: 1098
iPS:362051	5G12.005.001	NA	CGGGCAAGTCAGACCATTAGCAGGTTTTTAAAT	GTTGCATCCAGTTTGCAAAGT	CAACAGAGTTACAGTACCCTGCTCAGT
			SEQ ID NO: 2355	SEQ ID NO: 2512	SEQ ID NO: 2669
		AA	RASQTISRFLN	VASSLQS	QQSYSTLLS
			SEQ ID NO: 785	SEQ ID NO: 942	SEQ ID NO: 1099

Bảng 4B. CDRH1, CDRH2, và CDRH3 được lấy làm ví dụ: các trình tự nucleotit và axit amin

iPS#	Ab	Type	CDRH1	CDRH2	CDRH3

iPS:336175	2C2.005	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2670	SEQ ID NO: 2827
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1100	SEQ ID NO: 1257
iPS:335914	4B1	NA	AACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATGAAAACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2671	SEQ ID NO: 2828
		AA	NFGMH	VIWYDGSNENYADSVKG
			SEQ ID NO: 1101	SEQ ID NO: 1258

GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC			
SEQ ID NO: 2984			
GGDYVWGTYRPHYYYGM DV			
SEQ ID NO: 1414			
GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC			
SEQ ID NO: 2985			
DGTIFGVVLGDY			
SEQ ID NO: 1415			

iPS:335938	6H1	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2672	SEQ ID NO: 2829
		AA	YFGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1102	SEQ ID NO: 1259
iPS:335941	2F11	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2673	SEQ ID NO: 2830
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1103	SEQ ID NO: 1260
iPS:335970	5C2	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2674	SEQ ID NO: 2831
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG
			SEQ ID NO: 1104	SEQ ID NO: 1261

GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
SEQ ID NO: 2986
DGTIFGVLLGDY
SEQ ID NO: 1416
GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
SEQ ID NO: 2987
DRTIFGVVLDY
SEQ ID NO: 1417
GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
SEQ ID NO: 2988
EATIFGMVIVPFDY
SEQ ID NO: 1418

rs3359978	13H12	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2675	SEQ ID NO: 2832	SEQ ID NO: 2989
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1105	SEQ ID NO: 1262	SEQ ID NO: 1419
rs3359986	11C1	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGACACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2676	SEQ ID NO: 2833	SEQ ID NO: 2990
		AA	GYYIH	WISPNSGDTSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1106	SEQ ID NO: 1263	SEQ ID NO: 1420

iPS:335994	12H11	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACAAT	GAGGCCACGATTTTTGGA
				GGTGACACAAACTATGCA	ATGCTTATTGTACCATTTG
				CAGAAAGTTTCAGGAC	ACTAC
			SEQ ID NO: 2677	SEQ ID NO: 2834	SEQ ID NO: 2991
		AA	GYYIH	WISPNNGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1107	SEQ ID NO: 1264	SEQ ID NO: 1421
iPS:336024	18E3	NA	AGTGGTGGTTACTAC	TACATCTATTACAGTGGG	GATCGTATTACGATTTTTG
			TGGAGC	AGCACCTACTACAACCCG	GAGTGGTTATGGGGGGCG
				TCCCTCAAGAGT	GTATGGACGTC
			SEQ ID NO: 2678	SEQ ID NO: 2835	SEQ ID NO: 2992
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
			SEQ ID NO: 1108	SEQ ID NO: 1265	SEQ ID NO: 1422
iPS:336041	2G10_LC1	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGGA	GATCAGGCGATTTTTGGA
				AGTGATAAATACTATGCA	GTGGTCCCCGACTAC
				GACTCCGTGAAGGGC	
			SEQ ID NO: 2679	SEQ ID NO: 2836	SEQ ID NO: 2993
		AA	NYGMH	AIWFDGSDKYYADSVKG	DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1109	SEQ ID NO: 1266	SEQ ID NO: 1423

iPS:336077	4H9.004	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2680	SEQ ID NO: 2837	SEQ ID NO: 2994
		AA	YFGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1110	SEQ ID NO: 1267	SEQ ID NO: 1424
iPS:336088	6A5.004	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGGA AATAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2681	SEQ ID NO: 2838	SEQ ID NO: 2995
		AA	SYGMH	AIWYDGNNKYYADSVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1111	SEQ ID NO: 1268	SEQ ID NO: 1425

iPS:336099	17H11.004	NA	AGTTACTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGGG AGCACCAACTACAACCCC TCCCTCAAGAGT	GATGTAGCAGTGGCTGGC TTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2682	SEQ ID NO: 2839	SEQ ID NO: 2996
		AA	SYYWS	RIYTSGSTNYNPSLKS	DVAVAGFDY
			SEQ ID NO: 1112	SEQ ID NO: 1269	SEQ ID NO: 1426
iPS:359621	17H11.004.001	NA	AGTTACTACTGGAGC	CGTATCTATACCAGTGGG AGCACCAACTACAACCCC TCCCTCAAGAGT	GATGTAGCAGTGGCTGGC TTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2683	SEQ ID NO: 2840	SEQ ID NO: 2997
		AA	SYYWS	RIYTSGSTNYNPSLKS	DVAVAGFDY
			SEQ ID NO: 1113	SEQ ID NO: 1270	SEQ ID NO: 1427
iPS:359781	4H9.004.001	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2684	SEQ ID NO: 2841	SEQ ID NO: 2998
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1114	SEQ ID NO: 1271	SEQ ID NO: 1428

iPS:360929	4H9.004.002	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2685	SEQ ID NO: 2842
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1115	SEQ ID NO: 1272
iPS:360936	4H9.004.003	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2686	SEQ ID NO: 2843
		AA	YFGMH	VIWYDGSNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1116	SEQ ID NO: 1273
iPS:360943	4H9.004.004	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2687	SEQ ID NO: 2844
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1117	SEQ ID NO: 1274
iPS:360949	4H9.004.005	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2688	SEQ ID NO: 2845
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1118	SEQ ID NO: 1275
iPS:360955	4H9.004.006	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2689	SEQ ID NO: 2846
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1119	SEQ ID NO: 1276
iPS:360962	4H9.004.007	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2690	SEQ ID NO: 2847
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1120	SEQ ID NO: 1277
iPS:360968	4H9.004.008	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2691	SEQ ID NO: 2848
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1121	SEQ ID NO: 1278
iPS:360974	4H9.004.009	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2692	SEQ ID NO: 2849
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1122	SEQ ID NO: 1279
iPS:360981	4H9.004.010	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2693	SEQ ID NO: 2850
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1123	SEQ ID NO: 1280
iPS:360987	4H9.004.011	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2694	SEQ ID NO: 2851
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1124	SEQ ID NO: 1281
iPS:360994	4H9.004.012	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2695	SEQ ID NO: 2852
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1125	SEQ ID NO: 1282
iPS:361000	4H9.004.013	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2696	SEQ ID NO: 2853
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1126	SEQ ID NO: 1283
iPS:361007	4H9.004.014	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2697	SEQ ID NO: 2854
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1127	SEQ ID NO: 1284
iPS:361013	4H9.004.015	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2698	SEQ ID NO: 2855
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1128	SEQ ID NO: 1285
iPS:361020	4H9.004.016	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2699	SEQ ID NO: 2856
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1129	SEQ ID NO: 1286
iPS:361026	4H9.004.017	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2700	SEQ ID NO: 2857
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1130	SEQ ID NO: 1287
iPS:361033	4H9.004.018	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2701	SEQ ID NO: 2858
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1131	SEQ ID NO: 1288
iPS:361039	4H9.004.019	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2702	SEQ ID NO: 2859
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1132	SEQ ID NO: 1289
iPS:361046	4H9.004.020	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2703	SEQ ID NO: 2860
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1133	SEQ ID NO: 1290

		SEQ ID NO: 2688	SEQ ID NO: 2845	SEQ ID NO: 3002
iPS:359761	AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DGTIFGVLLGDY
		SEQ ID NO: 1118	SEQ ID NO: 1275	SEQ ID NO: 1432
	NA	TACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
		SEQ ID NO: 2689	SEQ ID NO: 2846	SEQ ID NO: 3003
4H9.004.006	AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVLLGDY
		SEQ ID NO: 1119	SEQ ID NO: 1276	SEQ ID NO: 1433
	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
		SEQ ID NO: 2690	SEQ ID NO: 2847	SEQ ID NO: 3004
iPS:360955	AA	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		SEQ ID NO: 1120	SEQ ID NO: 1277	SEQ ID NO: 1434
4B1.010	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
		SEQ ID NO: 2691	SEQ ID NO: 2848	SEQ ID NO: 3005
iPS:360962	AA	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		SEQ ID NO: 1121	SEQ ID NO: 1278	SEQ ID NO: 1435
4B1.011				

iPS:360968	4B1.012	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2692	SEQ ID NO: 2849	SEQ ID NO: 3006
		A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1122	SEQ ID NO: 1279	SEQ ID NO: 1436
iPS:360974	4B1.013	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2693	SEQ ID NO: 2850	SEQ ID NO: 3007
		A	NFGMH	VIWYDASNENYADSVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1123	SEQ ID NO: 1280	SEQ ID NO: 1437
iPS:360978	4B1.014	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2694	SEQ ID NO: 2851	SEQ ID NO: 3008
		A	NFGMH	VIWYDGSNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1124	SEQ ID NO: 1281	SEQ ID NO: 1438

iPS:359785	4B1.015	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
	N A	SEQ ID NO: 2695	SEQ ID NO: 2852	SEQ ID NO: 3009
	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DRTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1125	SEQ ID NO: 1282	SEQ ID NO: 1439
iPS:360982	4B1.016	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
	N A	SEQ ID NO: 2696	SEQ ID NO: 2853	SEQ ID NO: 3010
	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1126	SEQ ID NO: 1283	SEQ ID NO: 1440
iPS:335922	18F2	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATGAAAACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
	N A	SEQ ID NO: 2697	SEQ ID NO: 2854	SEQ ID NO: 3011
	A	NFGMH	VIWYDGSNENYADSVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1127	SEQ ID NO: 1284	SEQ ID NO: 1441
iPS:36098 6	18F2.002	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
	N A			

			SEQ ID NO: 2698	SEQ ID NO: 2855	SEQ ID NO: 3012
iPS:360995	18F2.003	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1128	SEQ ID NO: 1285	SEQ ID NO: 1442
		N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
		A	SEQ ID NO: 2699	SEQ ID NO: 2856	SEQ ID NO: 3013
iPS:360999	18F2.004	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1129	SEQ ID NO: 1286	SEQ ID NO: 1443
		N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
		A	SEQ ID NO: 2700	SEQ ID NO: 2857	SEQ ID NO: 3014
iPS:361005	18F2.005	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
		A	SEQ ID NO: 1130	SEQ ID NO: 1287	SEQ ID NO: 1444
		N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC
		A	SEQ ID NO: 2701	SEQ ID NO: 2858	SEQ ID NO: 3015

	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1131	SEQ ID NO: 1288	SEQ ID NO: 1445
iPS:361009	N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA	GATGGGACGATCTTTGGA
	A		AGTAATGAAAAACTATGCA	GTGGTCTTGGGGGACTAC
			GACGCCGTGAAGGGC	
		SEQ ID NO: 2702	SEQ ID NO: 2859	SEQ ID NO: 3016
18F2.006	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1132	SEQ ID NO: 1289	SEQ ID NO: 1446
iPS:361013	N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA	GATGGGACGATCTTTGGA
	A		AGTAATGAAAAACTATGCA	GTGGTCTTGGGGGACTAC
			GACGCCGTGAAGGGC	
		SEQ ID NO: 2703	SEQ ID NO: 2860	SEQ ID NO: 3017
18F2.007	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1133	SEQ ID NO: 1290	SEQ ID NO: 1447
iPS:361017	N	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA	GATGGGACGATCTTTGGA
	A		AGTAATGAAAAACTATGCA	GTGGTCTTGGGGGACTAC
			GACGCCGTGAAGGGC	
		SEQ ID NO: 2704	SEQ ID NO: 2861	SEQ ID NO: 3018
18F2.008	A	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
	A	SEQ ID NO: 1134	SEQ ID NO: 1291	SEQ ID NO: 1448

iPS:361021	18F2.009	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA
				AGTAATGAAAAACTATGCA
				GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2705	SEQ ID NO: 2862
		A	NFGMH	VIWYDGSNENYADAVKG
		A	SEQ ID NO: 1135	SEQ ID NO: 1292
iPS:361028	18F2.010	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA
				AGTAATGAAAAACTATGCA
				GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2706	SEQ ID NO: 2863
		A	NFGMH	VIWYDASNENYADSVKG
		A	SEQ ID NO: 1136	SEQ ID NO: 1293

GATGGGACGATCTTTGGA
GTGGTCTTGGGGGACTAC
SEQ ID NO: 3019
DGTIFGVVLGDY
SEQ ID NO: 1449
GATGGGACGATCTTTGGA
GTGGTCTTGGGGGACTAC
SEQ ID NO: 3020
DGTIFGVVLGDY
SEQ ID NO: 1450

iPS:360535	18F2.011	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2707	SEQ ID NO: 2864	SEQ ID NO: 3021
		AA	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DRTIFGVVLGDY
			SEQ ID NO: 1137	SEQ ID NO: 1294	SEQ ID NO: 1451
iPS:361035	18F2.012	NA	AACTTTGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2708	SEQ ID NO: 2865	SEQ ID NO: 3022
		AA	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DGTIFGVVLGDY
			SEQ ID NO: 1138	SEQ ID NO: 1295	SEQ ID NO: 1452
iPS:359940	2F11.002	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2709	SEQ ID NO: 2866	SEQ ID NO: 3023
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1139	SEQ ID NO: 1296	SEQ ID NO: 1453

iPS:361039	2F11.003	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA
				AGTAATAAATACTATGCA
				GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2710	SEQ ID NO: 2867
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1140	SEQ ID NO: 1297
iPS:361043	2F11.004	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA
				AGTAATAAATACTATGCA
				GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2711	SEQ ID NO: 2868
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1141	SEQ ID NO: 1298

iPS:361039	2F11.003	NA	GATAGGACGATTTTTGGA
			GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 3024
		AA	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1454
iPS:361043	2F11.004	NA	GATAGGACGATTTTTGGA
			GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 3025
		AA	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1455

iPS:361049	2F11.005	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2712	SEQ ID NO: 2869	SEQ ID NO: 3026
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1142	SEQ ID NO: 1299	SEQ ID NO: 1456
iPS:361055	2F11.006	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2713	SEQ ID NO: 2870	SEQ ID NO: 3027
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1143	SEQ ID NO: 1300	SEQ ID NO: 1457
iPS:361059	2F11.007	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2714	SEQ ID NO: 2871	SEQ ID NO: 3028
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1144	SEQ ID NO: 1301	SEQ ID NO: 1458

iPS:361063	2F11.008	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA
				AGTAATAAATACTATGCA
				GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2715	SEQ ID NO: 2872
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1145	SEQ ID NO: 1302
iPS:359949	2F11.009	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA
				AGTAATAAATACTATGCA
				GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2716	SEQ ID NO: 2873
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1146	SEQ ID NO: 1303

GATAGGACGATTTTTGGA
GTGGTTCTTGACTAC
SEQ ID NO: 3029
DRTIFGVVLDY
SEQ ID NO: 1459
GATAGGACGATTTTTGGA
GTGGTTCTTGACTAC
SEQ ID NO: 3030
DRTIFGVVLDY
SEQ ID NO: 1460

iPS:359956	2F11.010	NA	AGCTATGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGGTTCTTGACTAC
			SEQ ID NO: 2717	SEQ ID NO: 2874	SEQ ID NO: 3031
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYADAVKG	DRTIFGVVLDY
			SEQ ID NO: 1147	SEQ ID NO: 1304	SEQ ID NO: 1461
iPS:359865	6H1.002	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2718	SEQ ID NO: 2875	SEQ ID NO: 3032
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1148	SEQ ID NO: 1305	SEQ ID NO: 1462
iPS:359869	6H1.003	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2719	SEQ ID NO: 2876	SEQ ID NO: 3033
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1149	SEQ ID NO: 1306	SEQ ID NO: 1463

iPS:359873	6H1.004	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2720	SEQ ID NO: 2877	SEQ ID NO: 3034
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1150	SEQ ID NO: 1307	SEQ ID NO: 1464
iPS:359877	6H1.005	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2721	SEQ ID NO: 2878	SEQ ID NO: 3035
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1151	SEQ ID NO: 1308	SEQ ID NO: 1465

iPS:361067	6H1.006	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2722	SEQ ID NO: 2879	SEQ ID NO: 3036
		AA	YFGMH	VIWYDGSNKYYADSVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1152	SEQ ID NO: 1309	SEQ ID NO: 1466
iPS:361071	6H1.007	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2723	SEQ ID NO: 2880	SEQ ID NO: 3037
		AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADSVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1153	SEQ ID NO: 1310	SEQ ID NO: 1467
iPS:361075	6H1.008	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATGGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGGACTAC
			SEQ ID NO: 2724	SEQ ID NO: 2881	SEQ ID NO: 3038
		AA	YFGMH	VIWYDGSNKYYADAVKG	DGTIFGVLLGDY
			SEQ ID NO: 1154	SEQ ID NO: 1311	SEQ ID NO: 1468

iPS:361079	6AS.004.001	NA	AGCTATGGCATGCA C	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2725	SEQ ID NO: 2882	SEQ ID NO: 3039
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1155	SEQ ID NO: 1312	SEQ ID NO: 1469
iPS:361085	6AS.004.002	NA	AGCTATGGCATGCA C	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2726	SEQ ID NO: 2883	SEQ ID NO: 3040
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1156	SEQ ID NO: 1313	SEQ ID NO: 1470

iPS:361091	6A5.004.003	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2727	SEQ ID NO: 2884	SEQ ID NO: 3041
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1157	SEQ ID NO: 1314	SEQ ID NO: 1471
iPS:361095	6A5.004.004	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2728	SEQ ID NO: 2885	SEQ ID NO: 3042
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1158	SEQ ID NO: 1315	SEQ ID NO: 1472
iPS:361101	6A5.004.005	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 2729	SEQ ID NO: 2886	SEQ ID NO: 3043
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG	DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1159	SEQ ID NO: 1316	SEQ ID NO: 1473

iPS:361105	6A5.004.006	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2730	SEQ ID NO: 2887
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1160	SEQ ID NO: 1317
iPS:361109	6A5.004.007	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2731	SEQ ID NO: 2888
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1161	SEQ ID NO: 1318

GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
SEQ ID NO: 3044
DRTIFGVVLEY
SEQ ID NO: 1474
GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
SEQ ID NO: 3045
DRTIFGVVLEY
SEQ ID NO: 1475

iPS:361113	6A5.004.008	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGGA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2732	SEQ ID NO: 2889
		AA	SYGMH	AIWYDGNNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1162	SEQ ID NO: 1319
iPS:361120	6A5.004.009	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2733	SEQ ID NO: 2890
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1163	SEQ ID NO: 1320
iPS:359896	6A5.004.010	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2734	SEQ ID NO: 2891
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1164	SEQ ID NO: 1321

			GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 3046
			DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1476
			GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 3047
			DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1477
			GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
			SEQ ID NO: 3048
			DRTIFGVVLEY
			SEQ ID NO: 1478

iPS:359890	6A5.004.011	NA	AGCTATGGCATGCAC	GCTATATGGTATGATGCA AATAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2735	SEQ ID NO: 2892
		AA	SYGMH	AIWYDANNKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1165	SEQ ID NO: 1322
iPS:359567	2A11.002	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGAA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2736	SEQ ID NO: 2893
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYEDAVKG
			SEQ ID NO: 1166	SEQ ID NO: 1323

GATCGGACGATTTTTGGA GTGGTCCTTGAGTAC
SEQ ID NO: 3049
DRTIFGVVLEY
SEQ ID NO: 1479
GGGATTACGATTTTTGGTC ATGGGTTTGAATAT
SEQ ID NO: 3050
GITIFGHGFEY
SEQ ID NO: 1480

iPS:335965	2A11.003	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGAA GACTCCGTGAAGGGC	GGGATTACGATTTTTGGTC ATGGGTTTGAATAT
			SEQ ID NO: 2737	SEQ ID NO: 2894	SEQ ID NO: 3051
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYEDSVKG	GITIFGHGFEY
			SEQ ID NO: 1167	SEQ ID NO: 1324	SEQ ID NO: 1481
iPS:361158	2A11.004	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAATACTATGAA GACGCCGTGAAGGGC	GGGATTACGATTTTTGGTC ATGGGTTTGAATAT
			SEQ ID NO: 2738	SEQ ID NO: 2895	SEQ ID NO: 3052
		AA	SYGMH	VIWYDGSNKYYEDAVKG	GITIFGHGFEY
			SEQ ID NO: 1168	SEQ ID NO: 1325	SEQ ID NO: 1482
iPS:361165	2A11.005	NA	AGCTATGGCATGCAC	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGAA GACTCCGTGAAGGGC	GGGATTACGATTTTTGGTC ATGGGTTTGAATAT
			SEQ ID NO: 2739	SEQ ID NO: 2896	SEQ ID NO: 3053
		AA	SYGMH	VIWYDASNKYYEDSVKG	GITIFGHGFEY
			SEQ ID NO: 1169	SEQ ID NO: 1326	SEQ ID NO: 1483

iPS:361172	2G10_LC1.00 3	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2740	SEQ ID NO: 2897
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1170	SEQ ID NO: 1327
iPS:361178	2G10_LC1.004	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACTCCGTGAAGGGGC
			SEQ ID NO: 2741	SEQ ID NO: 2898
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADSVKG
			SEQ ID NO: 1171	SEQ ID NO: 1328

			GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 3054
			DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1484
			GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 3055
			DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1485

iPS:361185	2G10_LC1.005	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGGA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2742	SEQ ID NO: 2899
		AA	NYGMH	AIWFDGSDKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1172	SEQ ID NO: 1329
iPS:361192	2G10_LC1.006	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2743	SEQ ID NO: 2900
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1173	SEQ ID NO: 1330
iPS:359609	2G10_LC1.007	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2744	SEQ ID NO: 2901
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG
			SEQ ID NO: 1174	SEQ ID NO: 1331

			GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 3056
			DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1486
			GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 3057
			DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1487
			GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 3058
			DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1488

iPS:359615	2G10_LC1.008	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 2745	SEQ ID NO: 2902	SEQ ID NO: 3059
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG	DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1175	SEQ ID NO: 1332	SEQ ID NO: 1489
iPS:361196	2G10_LC1.009	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 2746	SEQ ID NO: 2903	SEQ ID NO: 3060
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG	DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1176	SEQ ID NO: 1333	SEQ ID NO: 1490

iPS:361202	2G10_LC1.010	NA	AACTATGGCATGCAC	GCTATATGGTTTGATGCA AGTGATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATCAGGCGATTTTTGGA GTGGTCCCCGACTAC
			SEQ ID NO: 2747	SEQ ID NO: 2904	SEQ ID NO: 3061
		AA	NYGMH	AIWFDASDKYYADAVKG	DQAIFGVVPDY
			SEQ ID NO: 1177	SEQ ID NO: 1334	SEQ ID NO: 1491
iPS:359644	18E3.002	NA	AGTGGTGGTTACTACTGG AGC	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	GATCGTATTACGATTTTTG GAGTGGTTATGGGGGGCG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO: 2748	SEQ ID NO: 2905	SEQ ID NO: 3062
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
			SEQ ID NO: 1178	SEQ ID NO: 1335	SEQ ID NO: 1492
iPS:361206	18E3.003	NA	AGTGGTGGTTACTACTGG AGC	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	GATCGTATTACGATTTTTG GAGTGGTTATGGGGGGCG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO: 2749	SEQ ID NO: 2906	SEQ ID NO: 3063
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
			SEQ ID NO: 1179	SEQ ID NO: 1336	SEQ ID NO: 1493

iPS:359628	18E3.004	NA	AGTGGTGGTTACTACTGG AGC	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	GATCGTATTACGATTTTTG GAGTGGTTATGGGGGGCG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO: 2750	SEQ ID NO: 2907	SEQ ID NO: 3064
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
			SEQ ID NO: 1180	SEQ ID NO: 1337	SEQ ID NO: 1494
iPS:359637	18E3.005	NA	AGTGGTGGTTACTACTGG AGC	TACATCTATTACAGTGGG AGCACCTACTACAACCCG TCCCTCAAGAGT	GATCGTATTACGATTTTTG GAGTGGTTATGGGGGGCG GTATGGACGTC
			SEQ ID NO: 2751	SEQ ID NO: 2908	SEQ ID NO: 3065
		AA	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
			SEQ ID NO: 1181	SEQ ID NO: 1338	SEQ ID NO: 1495

iPS:361210				
18E3.006	N	AGTGGTGGTTACTACTGG	TACATCTATTACAGTGGG	GATCGTATTACGATTTTTG
	A	AGC	AGCACCTACTACAACCCG	GAGTGGTTATGGGGGGCG
			TCCCTCAAGAGT	GTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 2752	SEQ ID NO: 2909	SEQ ID NO: 3066
	A	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
	A	SEQ ID NO: 1182	SEQ ID NO: 1339	SEQ ID NO: 1496
iPS:361214				
18E3.007	N	AGTGGTGGTTACTACTGG	TACATCTATTACAGTGGG	GATCGTATTACGATTTTTG
	A	AGC	AGCACCTACTACAACCCG	GAGTGGTTATGGGGGGCG
			TCCCTCAAGAGT	GTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 2753	SEQ ID NO: 2910	SEQ ID NO: 3067
	A	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
	A	SEQ ID NO: 1183	SEQ ID NO: 1340	SEQ ID NO: 1497
iPS:361218				
18E3.008	N	AGTGGTGGTTACTACTGG	TACATCTATTACAGTGGG	GATCGTATTACGATTTTTG
	A	AGC	AGCACCTACTACAACCCG	GAGTGGTTATGGGGGGCG
			TCCCTCAAGAGT	GTATGGACGTC
		SEQ ID NO: 2754	SEQ ID NO: 2911	SEQ ID NO: 3068
	A	SGGYYWS	YIYYSGSTYYNPSLKS	DRITIFGVVMGGGMDV
	A	SEQ ID NO: 1184	SEQ ID NO: 1341	SEQ ID NO: 1498

iPS:361222	5C2.006	N	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2755	SEQ ID NO: 2912
		A	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG
		A	SEQ ID NO: 1185	SEQ ID NO: 1342
iPS:361229	5C2.007	N	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2756	SEQ ID NO: 2913
		A	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG
		A	SEQ ID NO: 1186	SEQ ID NO: 1343

GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
SEQ ID NO: 3069
EATIFGMVIVPFDY
SEQ ID NO: 1499
GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
SEQ ID NO: 3070
EATIFGMVIVPFDY
SEQ ID NO: 1500

iPS:361236	5C2.008	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACGCT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2757	SEQ ID NO: 2914	SEQ ID NO: 3071
		AA	GYYIH	WINPDAGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1187	SEQ ID NO: 1344	SEQ ID NO: 1501
iPS:359685	5C2.009	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACGCT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2758	SEQ ID NO: 2915	SEQ ID NO: 3072
		AA	GYYIH	WINPDAGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1188	SEQ ID NO: 1345	SEQ ID NO: 1502
iPS:361240	5C2.010	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2759	SEQ ID NO: 2916	SEQ ID NO: 3073
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1189	SEQ ID NO: 1346	SEQ ID NO: 1503

iPS:361247	5C2.011	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2760	SEQ ID NO: 2917
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG
			SEQ ID NO: 1190	SEQ ID NO: 1347
iPS:361254	5C2.012	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2761	SEQ ID NO: 2918
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG
			SEQ ID NO: 1191	SEQ ID NO: 1348

iPS:361247	5C2.011	NA	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 3074
		AA	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1504
iPS:361254	5C2.012	NA	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 3075
		AA	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1505

iPS:361261	SC2.013	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACGCT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2762	SEQ ID NO: 2919	SEQ ID NO: 3076
		AA	GYYIH	WINPDAGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1192	SEQ ID NO: 1349	SEQ ID NO: 1506
iPS:361268	SC2.014	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACGCT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2763	SEQ ID NO: 2920	SEQ ID NO: 3077
		AA	GYYIH	WINPDAGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1193	SEQ ID NO: 1350	SEQ ID NO: 1507
iPS:359669	SC2.015	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACGCT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2764	SEQ ID NO: 2921	SEQ ID NO: 3078
		AA	GYYIH	WINPDAGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1194	SEQ ID NO: 1351	SEQ ID NO: 1508

iPS:359678	5C2.016	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT
				GGTGGCACAGACTATTCA
				CAGAGGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2765	SEQ ID NO: 2922
		AA	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG
			SEQ ID NO: 1195	SEQ ID NO: 1352
iPS:361275	11C1.002	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT
				GGTGAAACAAGCTATGCA
				CAGAAGTTTCAGGAC
			SEQ ID NO: 2766	SEQ ID NO: 2923
		AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1196	SEQ ID NO: 1353

			GAGGCCACGATTTTTGGA
			ATGGTTATTGTACCGTTTG
			ACTAC
			SEQ ID NO: 3079
			EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1509
			GAGGCCACGATTTTTGGA
			ATGCTTATTGTACCATTTG
			ACTAC
			SEQ ID NO: 3080
			EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1510

iPS:359712	11C1.005	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGACACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC
			SEQ ID NO: 2769	SEQ ID NO: 2926
		AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1199	SEQ ID NO: 1356
iPS:361289	11C1.004	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGAAACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC
			SEQ ID NO: 2768	SEQ ID NO: 2925
		AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1198	SEQ ID NO: 1355
iPS:361282	11C1.003	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGACACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC
			SEQ ID NO: 2767	SEQ ID NO: 2924
		AA	GYYIH	WISPNSGDTSYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1197	SEQ ID NO: 1354

GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC	SEQ ID NO: 3081	EATIFGMLIVPFDY	SEQ ID NO: 1511
GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC	SEQ ID NO: 3082	EATIFGMLIVPFDY	SEQ ID NO: 1512
GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC	SEQ ID NO: 3083	EATIFGMLIVPFDY	SEQ ID NO: 1513

iPS:361293	11C1.006	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGACACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2770	SEQ ID NO: 2927	SEQ ID NO: 3084
		AA	GYYIH	WISPNSGDTSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1200	SEQ ID NO: 1357	SEQ ID NO: 1514
iPS:361297	11C1.007	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGAAACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2771	SEQ ID NO: 2928	SEQ ID NO: 3085
		AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1201	SEQ ID NO: 1358	SEQ ID NO: 1515

jPS:361301	11C1.008				
NA		GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGACACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
	SEQ ID NO: 2772	SEQ ID NO: 2929	SEQ ID NO: 3086	
AA	GYYIH	WISPNSGDTSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY	
	SEQ ID NO: 1202	SEQ ID NO: 1359	SEQ ID NO: 1516	
jPS:359703	11C1.009			
NA		GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGAAACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
	SEQ ID NO: 2773	SEQ ID NO: 2930	SEQ ID NO: 3087	
AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY	
	SEQ ID NO: 1203	SEQ ID NO: 1360	SEQ ID NO: 1517	
jPS:361305	11C1.010			
NA		GGCTACTATATACAC	TGGATCAGCCCTAACAGT GGTGAAACAAGCTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
	SEQ ID NO: 2774	SEQ ID NO: 2931	SEQ ID NO: 3088	
AA	GYYIH	WISPNSGETSYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY	
	SEQ ID NO: 1204	SEQ ID NO: 1361	SEQ ID NO: 1518	

IPS:361312	13H12.002	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2775	SEQ ID NO: 2932	SEQ ID NO: 3089
		AA	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1205	SEQ ID NO: 1362	SEQ ID NO: 1519
IPS:359744	13H12.003	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2776	SEQ ID NO: 2933	SEQ ID NO: 3090
		AA	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1206	SEQ ID NO: 1363	SEQ ID NO: 1520

iPS:361319	13H12.004	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGACAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2777	SEQ ID NO: 2934	SEQ ID NO: 3091
		AA	GYYIH	WINPDSGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1207	SEQ ID NO: 1364	SEQ ID NO: 1521
iPS:359737	13H12.005	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2778	SEQ ID NO: 2935	SEQ ID NO: 3092
		AA	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1208	SEQ ID NO: 1365	SEQ ID NO: 1522
iPS:361326	13H12.006	NA	GGCTACTATATCCAC	TGGATCAACCCTGAAAGT GGTGGCACAGACTATTCA CAGAGGTTTCAGGGC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGGTTATTGTACCGTTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2779	SEQ ID NO: 2936	SEQ ID NO: 3093
		AA	GYYIH	WINPESGGTDYSQRFQG	EATIFGMVIVPFDY
			SEQ ID NO: 1209	SEQ ID NO: 1366	SEQ ID NO: 1523

jPS:361330	12H11.002	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2780	SEQ ID NO: 2937	SEQ ID NO: 3094
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1210	SEQ ID NO: 1367	SEQ ID NO: 1524
jPS:361337	12H11.003	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGACACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2781	SEQ ID NO: 2938	SEQ ID NO: 3095
		AA	GYYIH	WISPNQGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1211	SEQ ID NO: 1368	SEQ ID NO: 1525

iPS:361344	12H11.004	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2782	SEQ ID NO: 2939	SEQ ID NO: 3096
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1212	SEQ ID NO: 1369	SEQ ID NO: 1526
iPS:361351	12H11.005	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACAAT GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2783	SEQ ID NO: 2940	SEQ ID NO: 3097
		AA	GYYIH	WISPNNGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1213	SEQ ID NO: 1370	SEQ ID NO: 1527
iPS:361358	12H11.006	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACAAT GGTGACACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2784	SEQ ID NO: 2941	SEQ ID NO: 3098
		AA	GYYIH	WISPNNGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1214	SEQ ID NO: 1371	SEQ ID NO: 1528

jPS:361365	12H11.007	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGACACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2785	SEQ ID NO: 2942	SEQ ID NO: 3099
		AA	GYYIH	WISPNQGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1215	SEQ ID NO: 1372	SEQ ID NO: 1529
jPS:361372	12H11.008	NA	GGCTACTATATACAC	TGGATAAGCCCTAACAAT GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2786	SEQ ID NO: 2943	SEQ ID NO: 3100
		AA	GYYIH	WISPNNGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1216	SEQ ID NO: 1373	SEQ ID NO: 1530

IPS:361379	12H11.009	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2787	SEQ ID NO: 2944	SEQ ID NO: 3101
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1217	SEQ ID NO: 1374	SEQ ID NO: 1531
IPS:361383	12H11.010	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACAAT GGTGACACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2788	SEQ ID NO: 2945	SEQ ID NO: 3102
		AA	GYYIH	WISPNNGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1218	SEQ ID NO: 1375	SEQ ID NO: 1532
IPS:361387	12H11.011	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGACACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2789	SEQ ID NO: 2946	SEQ ID NO: 3103
		AA	GYYIH	WISPNQGDTNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1219	SEQ ID NO: 1376	SEQ ID NO: 1533

iPS:361391	12H11.012	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACAAT GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2790	SEQ ID NO: 2947	SEQ ID NO: 3104
		AA	GYYIH	WISPNNGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1220	SEQ ID NO: 1377	SEQ ID NO: 1534
iPS:361395	12H11.013	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 2791	SEQ ID NO: 2948	SEQ ID NO: 3105
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1221	SEQ ID NO: 1378	SEQ ID NO: 1535

iPS:361412	2C2.005.002	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2794	SEQ ID NO: 2951
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1223	SEQ ID NO: 1380
iPS:361406	2C2.005.001	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2793	SEQ ID NO: 2950
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1222	SEQ ID NO: 1379
iPS:361402	12H11.014	NA	GGCTACTATATACA C	TGGATAAGCCCTAACCAA GGTGAAACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGAC
			SEQ ID NO: 2792	SEQ ID NO: 2949
		AA	GYYIH	WISPNQGETNYAQKFQD
			SEQ ID NO: 1222	SEQ ID NO: 1379

iPS:361412	2C2.005.002	NA	GAGGCCACGATTTTTGGA ATGCTTATTGTACCATTTG ACTAC
			SEQ ID NO: 3108
		AA	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1536
iPS:361406	2C2.005.001	NA	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 3107
		AA	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1537
iPS:361402	12H11.014	NA	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 3106
		AA	EATIFGMLIVPFDY
			SEQ ID NO: 1536

iPS:361418	2C2.005.003	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1224	SEQ ID NO: 1381
		NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2795	SEQ ID NO: 2952
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1225	SEQ ID NO: 1382
		NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC
			SEQ ID NO: 2796	SEQ ID NO: 2953
iPS:361424	2C2.005.004	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1226	SEQ ID NO: 1383

GGDYVWGTYRPHYYYGM DV	
SEQ ID NO: 1538	
GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC	
SEQ ID NO: 3109	
GGDYVWGTYRPHYYYGM DV	
SEQ ID NO: 1539	
GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC	
SEQ ID NO: 3110	
GGDYVWGTYRPHYYYGM DV	
SEQ ID NO: 1540	

iPS:361430	2C2.005.005	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2797	SEQ ID NO: 2954	SEQ ID NO: 3111
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1227	SEQ ID NO: 1384	SEQ ID NO: 1541
iPS:361436	2C2.005.006	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2798	SEQ ID NO: 2955	SEQ ID NO: 3112
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1228	SEQ ID NO: 1385	SEQ ID NO: 1542
iPS:361442	2C2.005.007	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2799	SEQ ID NO: 2956	SEQ ID NO: 3113

iPS:361448	2C2.005.008	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1229	SEQ ID NO: 1386	SEQ ID NO: 1543
		NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2800	SEQ ID NO: 2957	SEQ ID NO: 3114
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1230	SEQ ID NO: 1387	SEQ ID NO: 1544
iPS:361454	2C2.005.009	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2801	SEQ ID NO: 2958	SEQ ID NO: 3115
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1231	SEQ ID NO: 1388	SEQ ID NO: 1545

iPS:361460	2C2.005.010	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2802	SEQ ID NO: 2959	SEQ ID NO: 3116
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1232	SEQ ID NO: 1389	SEQ ID NO: 1546
iPS:361466	2C2.005.011	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2803	SEQ ID NO: 2960	SEQ ID NO: 3117
		AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
			SEQ ID NO: 1233	SEQ ID NO: 1390	SEQ ID NO: 1547
iPS:361472	2C2.005.012	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
			SEQ ID NO: 2804	SEQ ID NO: 2961	SEQ ID NO: 3118

	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
		SEQ ID NO: 1234	SEQ ID NO: 1391	SEQ ID NO: 1548
iPS:361478	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTTC GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
		SEQ ID NO: 2805	SEQ ID NO: 2962	SEQ ID NO: 3119
	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVFGTYRPHYYYGMD V
		SEQ ID NO: 1235	SEQ ID NO: 1392	SEQ ID NO: 1549
iPS:361485	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTTC GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
		SEQ ID NO: 2806	SEQ ID NO: 2963	SEQ ID NO: 3120
	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVFGTYRPHYYYGMD V
		SEQ ID NO: 1236	SEQ ID NO: 1393	SEQ ID NO: 1550
iPS:361845	NA	AACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATGAAAACTATGCA	GATAGGACGATCTTTGGA GTGGTCTTGGGGGACTAC

			GACGCCGTGAAGGGC	
		SEQ ID NO: 2807	SEQ ID NO: 2964	SEQ ID NO: 3121
	AA	NFGMH	VIWYDASNENYADAVKG	DRTIFGVVLGDY
		SEQ ID NO: 1237	SEQ ID NO: 1394	SEQ ID NO: 1551
6H1.009	NA	TACTTTGGCATGCA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAATACTATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GATAGGACGATTTTTGGA GTGCTCTTGGGGGACTAC
		SEQ ID NO: 2808	SEQ ID NO: 2965	SEQ ID NO: 3122
	AA	YFGMH	VIWYDASNKYYADAVKG	DRTIFGVLLGDY
		SEQ ID NO: 1238	SEQ ID NO: 1395	SEQ ID NO: 1552
2C2.005.015	NA	GGCTACTATATGCA T	TGGATCAACCCTAACAGT GGTGGCACAAACTATGCA CAGAAGTTTCAGGGC	GGGGGGGATTACGTTTGG GGGACTTATCGGCCTCAC TACTACTACGGTATGGAC GTC
		SEQ ID NO: 2809	SEQ ID NO: 2966	SEQ ID NO: 3123
	AA	GYYMH	WINPNSGGTNYAQKFQG	GGDYVWGTYRPHYYYGM DV
		SEQ ID NO: 1239	SEQ ID NO: 1396	SEQ ID NO: 1553
5G12.006	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAGTTCCATGCA	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC

					GACTCCGTGAAGGGC		
				SEQ ID NO: 2810	SEQ ID NO: 2967	SEQ ID NO: 3124	
			AA	SYGIH	VIWYDGSNKFHADSVKG	GKVAGMPEAFEI	
				SEQ ID NO: 1240	SEQ ID NO: 1397	SEQ ID NO: 1554	
		iPS:336169		AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTAACACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC	TGGGGTGATTACGTTTGG GGGAGTTATCGTCCCTACT ACTACTACGGTATGG ACGTC	
			NA	SEQ ID NO: 2811	SEQ ID NO: 2968	SEQ ID NO: 3125	
				SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	GGDYVWGSYRPYYYYYG MDV	
			AA	SEQ ID NO: 1241	SEQ ID NO: 1398	SEQ ID NO: 1555	
		17B11.002		AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC	
			NA	SEQ ID NO: 2812	SEQ ID NO: 2969	SEQ ID NO: 3126	
				SYGIH	VIWYDASNKFHADAVKG	GKVAGMPEAFEI	
		iPS:361127		SEQ ID NO: 1242	SEQ ID NO: 1399	SEQ ID NO: 1556	
		5G12.006.001	AA				

iPS:359919	5G12.006.004	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 2815	SEQ ID NO: 2972	SEQ ID NO: 3129
		AA	SYGIH	VIWYDASNKFHADAVKG	GKVAGMPEAFEI
			SEQ ID NO: 1245	SEQ ID NO: 1402	SEQ ID NO: 1559
iPS:361140	5G12.006.003	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 2814	SEQ ID NO: 2971	SEQ ID NO: 3128
		AA	SYGIH	VIWYDASNKFHADAVKG	GKVAGMPEAFEI
			SEQ ID NO: 1244	SEQ ID NO: 1401	SEQ ID NO: 1558
iPS:361136	5G12.006.002	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 2813	SEQ ID NO: 2970	SEQ ID NO: 3127
		AA	SYGIH	VIWYDASNKFHADAVKG	GKVAGMPEAFEI
			SEQ ID NO: 1243	SEQ ID NO: 1400	SEQ ID NO: 1557

iPS:361491	17B11.002.001	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACTCCGTGAAGGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 2816	SEQ ID NO: 2973	SEQ ID NO: 3130
		AA	SYGIH	VIWYDASNKFHADSVKG	GKVAGMPEAFEI
			SEQ ID NO: 1246	SEQ ID NO: 1403	SEQ ID NO: 1560
iPS:361151	5G12.006.006	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGGA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGGC	GGAAAAGTGGCTGGTATG CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 2817	SEQ ID NO: 2974	SEQ ID NO: 3131
		AA	SYGIH	VIWYDGSNKFHADAVKG	GKVAGMPEAFEI
			SEQ ID NO: 1247	SEQ ID NO: 1404	SEQ ID NO: 1561
iPS:361144	5G12.006.005	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGTGATTACGTTTGG GGGAGTTATCGTCCCTACT ACTACTACTACGGTATGG ACGTC
			SEQ ID NO: 2818	SEQ ID NO: 2975	SEQ ID NO: 3132
		AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG	GGDYVWGSYRPYYYYYG MDV
			SEQ ID NO: 1248	SEQ ID NO: 1405	SEQ ID NO: 1562

iPS:361499	17B11.002.002	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTAACACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO: 2819	SEQ ID NO: 2976
		AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1249	SEQ ID NO: 1406
iPS:361503	17B11.002.003	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO: 2820	SEQ ID NO: 2977
		AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1250	SEQ ID NO: 1407
iPS:361507	17B11.002.004	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO: 2821	SEQ ID NO: 2978

			GGGGGTGATTACGTTTGG
			GGGAGTTATCGTCCCTACT
			ACTACTACTACGGTATGG
			ACGTC
			SEQ ID NO: 3133
			GGDYVVWGSYRPYYYYYG
			MDV
			SEQ ID NO: 1563
			GGGGGTGATTACGTTTGG
			GGGAGTTATCGTCCCTACT
			ACTACTACTACGGTATGG
			ACGTC
			SEQ ID NO: 3134
			GGDYVVWGSYRPYYYYYG
			MDV
			SEQ ID NO: 1564
			GGGGGTGATTACGTTTGG
			GGGAGTTATCGTCCCTACT
			ACTACTACTACGGTATGG
			ACGTC
			SEQ ID NO: 3135

	AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG	GGDYVWGSYRPYYYYYG MDV
		SEQ ID NO: 1251	SEQ ID NO: 1408	SEQ ID NO: 1565
iPS:361514	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGTGATTACGTTTGG GGGAGTTATCGTCCCTACT ACTACTACTACGGTATGG ACGTC
		SEQ ID NO: 2822	SEQ ID NO: 2979	SEQ ID NO: 3136
17B11.002.005	AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG	GGDYVWGSYRPYYYYYG MDV
		SEQ ID NO: 1252	SEQ ID NO: 1409	SEQ ID NO: 1566
iPS:360582	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTAACACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC	GGGGGTGATTACGTTTGG GGGAGTTATCGTCCCTACT ACTACTACTACGGTATGG ACGTC
		SEQ ID NO: 2823	SEQ ID NO: 2980	SEQ ID NO: 3137
17B11.002.006	AA	SYDIN	WMNPNSGNTGYAQKFQG	GGDYVWGSYRPYYYYYG MDV
		SEQ ID NO: 1253	SEQ ID NO: 1410	SEQ ID NO: 1567

iPS:361518	17B11.002.007	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO: 2824	SEQ ID NO: 2981
		AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1254	SEQ ID NO: 1411
iPS:360570	17B11.002.008	NA	AGTTATGATATCAA C	TGGATGAACCCTAACAGT GGTGGCACAGGCTATGCA CAGAAGTTCCAGGGC
			SEQ ID NO: 2825	SEQ ID NO: 2982
		AA	SYDIN	WMNPNSGGTGYAQKFQG
			SEQ ID NO: 1255	SEQ ID NO: 1412
iPS:362051	5G12.005.001	NA	AGCTATGGCATACA C	GTTATATGGTATGATGCA AGTAATAAGTTCCATGCA GACGCCGTGAAGGGC
			SEQ ID NO: 2826	SEQ ID NO: 2983
		AA	SYGIH	VIWYDASNKFHADAVKG

			GGGGGTGATTACGTTTTC
			GGGAGTTATCGTCCCTACT
			ACTACTACTACGGTATGG
			ACGTC
			SEQ ID NO: 3138
			GGDYVFGSYRPYYYYYGM
			DV
			SEQ ID NO: 1568
			GGGGGTGATTACGTTTTC
			GGGAGTTATCGTCCCTACT
			ACTACTACTACGGTATGG
			ACGTC
			SEQ ID NO: 3139
			GGDYVFGSYRPYYYYYGM
			DV
			SEQ ID NO: 1569
			GGAAAAGTGGCTGGTATG
			CCTGAAGCTTTTGAAATC
			SEQ ID NO: 3140
			GKVAGMPEAFEI

			SEQ ID NO: 1256	SEQ ID NO: 1413	SEQ ID NO: 1570

Bảng 5. Các trình tự axit amin ("AA") và axit nucleic ("NA") của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng được lấy làm ví dụ

iPS số	Ab	Loại	LC	HC
iPS:336175	2C2.005	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTG
			CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
			CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCCGGATACAC
			ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC	CTTCACCGGCTACTATATGCATTGGGTG
			AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	CGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
			CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	GGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
			TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAG
			CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC	GGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
			CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG	TCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGA
			GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG	GCAGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGT
			ACAGCCTGAATGGTCCGGTATTCGGCGG	GTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTAC
			AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG	GTTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACT

CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT		ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
TCCCGCCCTCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAG
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC		GACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGT
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		CGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAG
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		TGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGG
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		CACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAAT
GAATGTTCA		CACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACA
		AAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGC
		ACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
		TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA
		CCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGT
		CACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
		GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGT
		ACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGC
		CAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA

		CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTC
		CTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGA
		ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTC
		CAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAG
		AAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
		CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC
		CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGA
		ACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA
		AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG
		GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAG
		AACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGC
		TGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTAT
		AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCT
		CCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
		CCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1885	SEQ ID NO: 2042
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	FTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
	DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	GGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS

		TFDDSLNGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV
		TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT
		VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA
		ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV
		EKTVAPTECS
	SEQ ID NO: 315	SEQ ID NO: 472
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAC
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	TTTCAGTAACTTTGGCATGCACTGGGTC
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC	CGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAG
	TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAA
	TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	GTAATGAAAACTATGCAGACTCCGTGAA

GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA		GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAAT
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC		TCCAAGAATACGCTGTATCTGCACATGA
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT		ACAGCCTGAGAGTCGCGGACACGGCTGT
TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA		GTATTATTGTGCGCGAGATGGGACGATC
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC		TTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGG
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG		GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC		AGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCT
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		GGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		ACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		CCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		AGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		GCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAA
		GGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT
		TGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC
		GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCA
		AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC

TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTG

AGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA

ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCA

TAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGA

GCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTC

AGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACT

GGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA

AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCC

CATCGAGAAAAACCATCTCCAAAGCCAAA

GGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTAC

ACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGA

CCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCT

GGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATC

GCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAG

CCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC

CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTC

CTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA

GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC

ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCAC

AACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCC

TGTCTCCGGGTAAA

	SEQ ID NO: 1886	SEQ ID NO: 2043
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF SNFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGS NENYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLHMNS LRVADTAVYYCARDGTIFGVVLGDYWGQ GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 316	SEQ ID NO: 473
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA GACTCTCCTGTGCAGCGGTCTGGATTCAC

ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC			CTTCAGTTACTTTGGCATGCACTGGGTCC
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC			GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGGAGT
TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG			GGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAG
TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT			TAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAG
GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA			GGCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAATT
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC			CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT			CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA			GTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGATT
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC			TTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGG
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			AGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCT
TGGATAACGCGCCCTCCAATCGGGTAACTC			GGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			ACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			AGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAA
			GGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT

TGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT

GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC

GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCA

AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC

TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTG

AGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA

ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCA

TAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGA

GCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTC

AGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACT

GGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA

AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCC

CATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAA

GGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTAC

ACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGA

CCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCT

GGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATC

GCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAG

CCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC

CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTC

CTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA

		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCAC
		AACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCC
		TGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1887	SEQ ID NO: 2044
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF SYFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGS NKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNS LRAEDTAVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQ GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK

iPS:335941		SEQ ID NO: 317	SEQ ID NO: 474
2F11		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGA
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAC
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	CTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	CGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAG
		GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA	TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	GTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAA
		GATCTGGGACAGATTTTAGTTTCACCAT	GGGCCGATTCACCATCTCCAGCGACAAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA	TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGA
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC	ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTG
		TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT	TGTATTACTGTGCGAGAGATAGGACGAT
		GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC	TTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGC
		ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG	CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
		AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
		TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
		GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
		ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
		GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC	AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
		CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG

NA

AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG

		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1888	SEQ ID NO: 2045
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	SSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGS
	PSRFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDIATYYCQ	NKYYADSVKGRFTISSDNSKNTLYLQMNS
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLDYWGQG
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE

		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 318	SEQ ID NO: 475
iPS:335970	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG
		ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG
		GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT
		GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC
5C2		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG
		CTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGC
		ACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT

CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACC
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		GGTGACGGTGTCGTTGGAACTCAGGCGCC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGG
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		CTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCA
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTG
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		CAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCAC
		CGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGG
		ACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAAC
		CCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
		CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGAC
		GTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGT
		TCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGT
		GCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
		GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGT
		GTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGG
		ACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGT
		GCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC
		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCC

	AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG
	TACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGA
	TGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
	CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGAC
	ATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGG
	CAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACG
	CCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCT
	TCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
	CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGT
	CTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCT
	CTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCC
	TCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2046
SEQ ID NO: 1889	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGG
SSSNNKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWAST	TDYSQRFQGRFTMTRDTSISTAYMELNRL
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	RSDDTAVYYCAREATIFGMVIVPFDYWGQ
AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
QGLSSPVTKSFNRGEC	

AA

		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 319	SEQ ID NO: 476
jPS:335978	NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
13H12		AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		CTTCACCGGCTACTATATCCACTGGGTG
		CGACAGGCCCCTGGACAAGGACTTGAGT
		GGATGGGGTGGATCAACCCTGACAGTGG
		TGGCACAGACTATTCACAGAGGTTTCAG
		GGCAGGTTCACCATGACCAGGGACACGT
		CCATCAGCACAGCCTACATGGAACTGAG
		CAGGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTG
		TATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTT
		TTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTAC

CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC			TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCT
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT			CCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC			CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			ACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACC
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			GGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGG
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			CTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCA
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTG
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
			TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCAC
			CGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGG
			ACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAAC
			CCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
			CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGAC
			GTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGT
			TCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGT
			GCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
			GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGT

		GTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGG
		ACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGT
		GCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC
		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCC
		AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG
		TACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGA
		TGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGAC
		ATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGG
		CAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACG
		CCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCT
		TCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGT
		CTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCT
		CTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCC
		TCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1890	SEQ ID NO: 2047
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGHPPKLLIYWAST	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGG
	RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	TDYSQRFQGRFTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYYCAREATIFGMVIVPFDYWGQ

		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 320	SEQ ID NO: 477
iPS:335986	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
	ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG	PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
	ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGGTCCCTG	TGACACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAG
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GACAGGGTCACCATGACCAGGGACACG

AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG		TCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTGA
CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT		GCAGACTGAGATCTGACGACACGGCCGT
GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC		GTATTTCTGTACGAGAGAGGCCACGATT
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT		TTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTA
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC		CTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGG
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		TCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		CACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		GCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACT
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		CCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		CAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		TGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCA
		AATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
		ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGG
		GGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
		AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCG
		GACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG

GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTC	
AAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGG	
AGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGT	
GTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC	
GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA	
CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA	
CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC	
CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA	
AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC	
AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA	
GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT	
GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC	
AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC	
AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG	
ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG	
GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC	
GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG	
AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG	
AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA	
GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA	
SEQ ID NO: 2048	SEQ ID NO: 1891

AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	TGYYIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGD
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	TSYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYFCTREATIFGMLIVPFDYWGQ
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
	QGLSSPVTKSFNRGEC	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 321	SEQ ID NO: 478

IPS:335994	12H11		
		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		CCCTGTCTCTGGGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
		ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	CGTCAGGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACAATG
		ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG	GTGACACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	GTGTATTACTGTACGAGAGAGGCCACGA
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
		CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
		CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC

AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
	CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC
	CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
	GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
	AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
	CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
	TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
	CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
	GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
	TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC
	GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA
	CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
	CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
	CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
	AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC
	AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
	GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
	GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
	AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC

		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1892	SEQ ID NO: 2049
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGD
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYYCTREATIFGMLIVPFDYWGQ
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
	QGLSSPVTKSFNRGEC	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW

LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ				
PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG				
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS				
DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM				
HEALHNHYTQKSLSLSPGK				

iPS:336024		SEQ ID NO: 322	SEQ ID NO: 479
18E3			
	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAG
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGTC
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CCTCACCTGCACTGTCTCTGGTGACTCCA
		ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	TCAGCAGTGGTGGTTACTACTGGAGCTG
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT	GATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCT
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	GGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT
		ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCA
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	AGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACAC
		CATCAGCAGACAGGAGCCTGATGATTTT	GTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTG
		GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	AGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCG
		GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC	TGTATTACTGTGCGAGAGATCGTATTAC
		CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC	GATTTTTGGAGTGGTTATGGGGGGCGGT
		TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT	ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
		CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC	GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGG
		CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT	GCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCC
		ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA	TCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGG
		AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA	CCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTT
		CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA	CCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAAC

CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC		TCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT		CCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACC
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC		GTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGA
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA		CCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC
GTGT		CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGT
		TGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCAC
		ACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAC
		TCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTC
		CCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGA
		TCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGT
		GGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
		GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACG
		GCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAA
		AGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGT
		CCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAG
		GAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA
		GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCA
		TCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAG
		AACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATC

	CCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGT
	CAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTC
	TATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGG
	AGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACT
	ACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTC
	CGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
	CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
	CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGA
	TGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACAC
	GCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
	AAA
SEQ ID NO: 1893	SEQ ID NO: 2050
EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSIS
SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	SGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGST
DRFSGSGSGTDFTLTISRQEPDDFAVYYCQ	YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTA
QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP	ADTAVYYCARDRITIFGVVMGGGMDVW
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	GQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQ
KSFNRGEC	TYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHT
	CPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRT

			PEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEV
			HNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
			WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
			QPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK
			GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD
			SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
			HEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:336041	2G10_LC1		SEQ ID NO: 480
		SEQ ID NO: 323	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
		GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
		CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GACTCTCCTGTGCAGCATCTGGATTCAC
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CTTCAGTAACTATGGCATGCACTGGGTC
		GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CGCCAGGCTCCAGGCGAGGGGCTGGAG
		AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	TGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGGAA
		CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT	GTGATAAAATACTATGCAGACTCCGTGAA
	NA	GGTATCCCAGCCAGGGTCAGTGGCAGTG	GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAAC
		GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT	TCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGA
		CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCA	ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTG
		GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT	TGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGAT
		GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA	TTTTGGAGTGGTCCCCGACTACTGGGGC
		GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC	CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	

ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC		CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG

	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
	CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
	CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
	ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
	GTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1894	SEQ ID NO: 2051
EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	SNYGMHWVRQAPGEGLEWVAAIWFDGS
ARVSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQ	DKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNS
QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	LRAEDTAVYYCARDQAIFGVVPDYWGQG
PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA

KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS		ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT		FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
KSFNRGEC		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
SEQ ID NO: 324		SEQ ID NO: 481
GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT		GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGGTCCCTGA
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC		GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAC
ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC		CTTCAGTTACTTTGGCATGCACTGGGTCC
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACGCC		GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT
TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG		GGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAG
TGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGT		TAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAG
GGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAA		GGCCGCTTCACCATCTCCAGAGACAATT
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGT		CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA

AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGT		CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TACCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCA		GTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGATT
AAGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGC		TTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGG
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG		GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC		AGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCT
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		GGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		ACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		CCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		AGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		GCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAA
		GGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT
		TGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC
		GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCA
		AGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC
		TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTG
		AGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA

	ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCA
	TAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGA
	GCAGTACGGCAGCACCGTACCGTTGTGTC
	AGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACT
	GGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
	AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCC
	CATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAA
	GGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTAC
	ACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGA
	CCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCT
	GGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATC
	GCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAG
	CCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC
	CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTC
	CTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
	GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
	ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCAC
	AACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCC
	TGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1895	SEQ ID NO: 2052
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF

		SYFGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGS
		NKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNS
		LRAEDTAVYYCARDGTIFGVLLGDYWGQ
		GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
		AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
		HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
		YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 325	SEQ ID NO: 482
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
	CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT

GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA		GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGGAAA
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG		TAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAG
GATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCAT		GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA		CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC		CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT		GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA		TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACCTCGGCC
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC

AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA

		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGGTAAA
AA	SEQ ID NO: 1896	SEQ ID NO: 2053
	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDGN
	SRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQ	NKYYADSVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
	YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYLGQGT
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 326	SEQ ID NO: 483

			GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCA
			CCGTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGT
			CACCATCACTTGTCGGGCGAGTCAGGGT	CCCTCACCTGCACTGTCTCTCAGGGCTCC
			CTTATCATCTGGTTAGCCTGGTATCAGC	ATCAGTAGTTACTACTGGAGCTGGATCC
			AGAAACCGGGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GGCAGCCCCGCCGGGAAGGGACTAGAGT
			GATCTATGCTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGATTGGCCGTATCTATACCAGTGGGAG
			GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	CACCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGT
			GCTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	CGAGTCACCATGTCAATAGACACGTCCA
			CAGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCA	AGAACCAGTTCTCCCTGAAACTGAACTC
			ACTTACTATTGTCAACAGACTAACAGTT	TGTGACCGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
			TCCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAA	TACTGTGCGAGAGATGTAGCAGTGGCTG
		NA	GGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	GCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCT
			ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	GGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAG
			ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	GGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCT
			TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGC
			CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
			TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGA
			CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	ACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCA
			CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	CACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCA
			ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGA
			AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAG	
ACAAAGAGGTTCAACAGGGGAGAGTGT	CCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAA	
	GTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC	
	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGA	
	ACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTC	
	TTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCA	
	TGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG	
	CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGA	
	CCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTG	
	GACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAG	
	ACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC	
	AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCA	
	CCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG	
	CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAAC	
	AAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA	
	CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCG	
	AGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCA	
	TCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAG	
	GTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCT	
	TCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG	
	GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAA	

		CTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGAC
		TCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAA
		GCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCA
		GCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTG
		ATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACA
		CGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1897	SEQ ID NO: 2054
	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGLII	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSQGSIS
	WLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPS	SYYWSWIRQPAGKGLEWIGRIYTSGSTNY
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	NPSLKSRVTMSIDTSKNQFSLKLNSVTAAD
	TNSFPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	TAVYYCARDVAVAGFDYWGQGTLVTVSS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVK
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQS
AA	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	SGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKP
	SFNRGEC	SNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELL
		GGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVD
		VSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCE
		EQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKC
		KVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
		PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSK LTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYT QKSLSLSPGK		

IPS:359621		SEQ ID NO: 327	SEQ ID NO: 484
17H11.004.001		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTT	CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTG
		CCGTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA
		CACCATCACTTGTCGGGCGAGTCAGGGT	CTGTCTCTGGGGGGCTCCATCAGTAGTTACTACTGG
		CTTATCATCTGGTTAGCCTGGTATCAGC	AGCTGGATCCGGCAGCCCGCCGGGAAGGGACTA
		AGAAACCGGGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GAGTGGATTGGCCGTATCTATACCAGTGGGAGCA
		GATCTATGCTGCATCCAGTTTGCAAAGT	CCAACTACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCAC
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	CATGTCAATAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCC
		GCTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	CTGAAACTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGG
		CAGCAGCCTACAGCCTGAAGATTTTGCA	CCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGTAGCAGTGGC
		ACTTACTATTGTCAACAGACTAACAGTT	TGGCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
		TCCCTCCGACGTTCGGCCAAGGGACCAA	ACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGG
		GGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	TCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	ACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAA
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTC
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	CCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCT
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	CAGCAGCGTGGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACA

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC				AGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG				AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT				ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC				TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT				CCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG
				CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAG
				GTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGG
				TGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
				AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT
				CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAG
				GAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC
				CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAA
				AGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTG
				CCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAG
				GTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATC
				CCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATG
				GGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC
				CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTAT
				AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
				CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
				AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCT

			CTCCCTGTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1898	SEQ ID NO: 2055
	AA	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGLII WLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPS RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ TNSFPPTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK SFNRGEC	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSYYWSW IRQPAGKGLEWIGRIYTSGSTNYNPSLKSRVTMSIDT SKNQFSLKLNSVTAADTAVYYCARDVAVAGFDYW GQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALG CLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSG LYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTL MISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEY KCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRE EMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNY KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 328	SEQ ID NO: 485
		GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA

iPS:359781
4H9.004.001

	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT		TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG		ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
	GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT		ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTA		CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTT		TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
	ACCCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA		GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
	AGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGCA		AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
	CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		AAGAGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
	TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
	CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
	GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
	CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
	AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
	ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
	AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
	CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAA
	ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC
			TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
			GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
			ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC

		CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACCGTACCGTTG
		TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA
		ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
		CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
		GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
		TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
		CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
		CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1899	SEQ ID NO: 2056
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
	HNSYPFTFGQGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS

		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
		SEQ ID NO: 329
iPS:360929	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC
		ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG
		GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTA
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTT
		ACCCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA
		AGTGGATGTTCAAACGAACGGTGGCTGCA
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA
4H9.004.002		NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
		PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
		WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ
		VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES
		NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 486
		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
		CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA
		TAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTC
		ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
		TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
		GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
		AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
		AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT

TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCC
			TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
			GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
			ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC
			CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
			TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA
			ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
			CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
			GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
			ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
			AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG

		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
		GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
		TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
		CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
		CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1900	SEQ ID NO: 2057
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ HNSYPFTFGQGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT KSFNRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADSVKGRF TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 330	SEQ ID NO: 487

iPS:360936			
4H9.004.003			
		GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
		ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAA
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTA	CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTT	TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
NA		ACCCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
		AGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGCA	AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
		AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
		AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC
		TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
		GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
		ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC
		CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
		TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA
		ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
		CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
		GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
		TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
		CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
		CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1901	SEQ ID NO: 2058
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH

		NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP
		SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ
		HNSYPFTFGQGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP
		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 331	SEQ ID NO: 488
iPS:360943	NA	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADAVKGRF
4H9.004.004	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
	GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT	WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ
		VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES
		NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 331	SEQ ID NO: 488
	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
	ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
	GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA

CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTA			CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTT			TTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
ACCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA			GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
AGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGCA			AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC
			TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
			GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
			ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC
			CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
			TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA

		ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
		CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
		GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
		TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
		CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
		CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1902	SEQ ID NO: 2059
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
	HNSYPFTFGPGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
	KSFNRGEC	PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD

WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK			

iPS:360949	SEQ ID NO: 332	SEQ ID NO: 489
4H9.004.005		
	NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC
		ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACGCC
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
		TGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGT
		GGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAA
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGT
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGT
		TACCCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCA
		AAGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCAT
		GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
		GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
		TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
		CTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
		CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGG
		ACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGG
		GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTC
		CACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCC
		TCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCC
		CTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC
		CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
		CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACA
		GTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTG
		ACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCT

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			ACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCT
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
			TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA
			ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATG
			CCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCA
			GCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
			GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAA
			GTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
			ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
			CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT
			CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCC
			TGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
			CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
			GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
			GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
			CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
			AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC

		TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1903	SEQ ID NO: 2060
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	NELGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGR
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTI
	HNSYPFTFGQGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP	FGVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSK
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	STSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	KSFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 333	SEQ ID NO: 490
NA	GACATTCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCAT
	ATTAGAAATGAGTTAGGCTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTG	CTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACG
GATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACAAT	CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGTA	GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATAGG
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAGTT	ACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGG
ACCCATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTC
AGTGGATGTCAAACGAACGGTGGCTGCA	CACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	TCCTCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	CTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACA
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	GTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTG
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	ACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCT
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	ACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCT
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
	TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
	ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA

		ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATG
		CCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCA
		GCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
		GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAA
		GTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
		ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
		CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT
		CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCC
		TGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
		CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
		GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
		CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC
		TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1904	SEQ ID NO: 2061
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	NELGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGR
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFVTYYCLQ	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTI
	HNSYPFTFGQGTKVDVKRTVAAPSVFIFPP	FGVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSK

		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 334	SEQ ID NO: 491
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
NA	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATACG
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGTCGCG
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	GACACGGCTGTGTATTATTGTGCGCGAGATGGG
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	ACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGG
	ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTC

AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA				CACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA				TCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT				CTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC				CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT				CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACA
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC				GTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTG
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC				ACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCT
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC				ACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG				CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT				GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC				CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCT
ACAAAGAGCTTCAACAGGGAGAGTGT				CTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
				TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
				ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA
				ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATG
				CCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCA
				GCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
				GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAA
				GTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
				ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
				CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT

			CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCC
			TGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
			CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
			GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
			GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
			CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
			AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC
			TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
			GTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1905	SEQ ID NO: 2062
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	TISRDNSKNTLYLQMNSLRVADTAVYYCARDGTIF
		NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
			NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
			HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 335	SEQ ID NO: 492
iPS:360962	4B1.011	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
			ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC
			TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
			TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT
			GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
			AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT
			TACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCA
			AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC
			ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
			ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC
			TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC
			CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG
			TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC
			CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
			GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
			TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
			ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATACG
			CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGTCGCG
			GACACGGCTGTGTATTATTGTGCGCGAGATGGG
			ACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGG
			GCCAGGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTC
			CACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCC
			TCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCC
			CTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC
			CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA
			CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACA
			GTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTG
			ACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCT

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			ACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCT
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
			TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA
			ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATG
			CCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCA
			GCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
			GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAA
			GTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
			ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
			CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT
			CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCC
			TGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
			CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
			GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
			GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
			CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
			AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC

		TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1906	SEQ ID NO: 2063
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	TISRDNSKNTLYLQMNSLRVADTAVYYCARDGTIF
	NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 336	SEQ ID NO: 493
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG	
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG	
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAATACG	
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGTCGCG	
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	GACACGGCTGTGTATTATTGTGCGCGAGATGGG	
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	ACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGG	
ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA	GCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTC	
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	CACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCC	
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	TCCTCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCC	
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	CTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAAC	
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGA	
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	CCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACA	
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	GTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTG	
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	ACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCT	
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	ACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACA	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	CCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTT	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	GTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAG	
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	CACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCT	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC	
	TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG	
	ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA	

		ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATG
		CCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCA
		GCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
		GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAA
		GTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
		ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG
		CCCCGAGAACCACACAGGTGTACACCCTGCCCCCAT
		CCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCC
		TGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
		CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
		GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAG
		CTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTC
		TGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1907	SEQ ID NO: 2064
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	TISRDNSKNTLYLQMNSLRVADTAVYYCARDGTIF
	NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC		TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

iPS:360974	SEQ ID NO: 337	SEQ ID NO: 494
4B1.013		
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGG
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAT
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GCAAGTAATGAAAACTATGCAGACTCCGTGAA
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCA
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	AGAATACGCTGTATCTGCACATGAACAGCCTG
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	AGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATTGTGCG
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	CGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGG
	ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
	AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCT
	CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	TCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
	TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAG
	GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	GACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG
	CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACAC
	GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	CTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
	CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CTCCCTCAGCAGCCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		AGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCA
		AAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
		CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGA
		GCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGG
		TACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAA
		GACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGC
		ACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAG
		TGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC
		ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCA
		GCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTC
		AGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
		AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGG
		GCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC
		CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCT
		ATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG

		CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1908	SEQ ID NO: 2065
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK SFNRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADSVKG RFTISRDNSKNTLYLHMNSLRVADTAVYYCARD GTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLA PSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGAL TSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTY ICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP ELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGST YRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLT CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH NHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 338	SEQ ID NO: 495

			IPS:360978
			4B1.014
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAT
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGAAGTAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAA
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCA
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	AGAATACGCTGTATCTGCACATGAACAGCCTG
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	AGAGTCGCGGACACGGCTGTGTATTATTGTGCG
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	CGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGG
		ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
		AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCT
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	TCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAG
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	GACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACAC
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	CTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG
		AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACA
		AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	AGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACT

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTC CTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCA AAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGA GCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGG TACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAA GACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGC ACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAG TGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCC ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCA GCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTC AGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGG GCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCT ATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA

		SEQ ID NO: 1909	SEQ ID NO: 2066
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM
		YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYADAVK
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	GRFTISRDNSKNTLYLHMNSLRVADTAVYYCAR
		NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	DGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPL
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPA
		SFNRGEC	PELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDV
			SHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGST
			YRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI
			EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLT
			CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
			DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH
			NHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 339	SEQ ID NO: 496
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAT

GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT		GCAAGTAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAA
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG		GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCA
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT		AGAATACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA		AGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTGC
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT		GCGAGATAGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGG
ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA		GGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA		GTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		TTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		CCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCA
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		GCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAAC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TCCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCC
		CAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGG
		ACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
		GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACT

	GGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG
	CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
	GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCC
	CCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGG
	GCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC
	CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAG
	GTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTAT
	CCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGC
	CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
	TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTG
	ATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCA
	GAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1910	SEQ ID NO: 2067
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVK GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCAR DRTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPL

		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
		SFNRGEC
	SEQ ID NO: 340	SEQ ID NO: 497
iPS:360982	NA	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
4B1.016	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGG
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGAT
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GCAAGTAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAA
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCA
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	AGAATACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTG
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	AGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTGC
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	GCGAGATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGG

ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA		GGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA		GTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		TTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		CCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCA
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		GCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAAC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCC
		CAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGG
		ACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
		GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACT
		GGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG
		CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT
		GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
		AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCC

		CCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGG
		GCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC
		CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAG
		GTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTAT
		CCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGC
		CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTG
		ATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCA
		GAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1911	SEQ ID NO: 2068
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVK
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	GRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRVEDTAVYYCAR
	NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	DGTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPL
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPA
	SFNRGEC	PELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDV
		SHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGST

		YRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI
		EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLT
		CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH
		NHYTQKSLSLSPGK
iPS:335922	SEQ ID NO: 341	SEQ ID NO: 498
18F2	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCACC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA
		AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC
		GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTG

CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA	
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	CCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCT	
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	ACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCA	
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	GCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAAC	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGA	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA	
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAC	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCC	
	CAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGG	
	ACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT	
	GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACT	
	GGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC	
	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG	
	CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCT	
	GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA	
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCC	
	CCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGG	
	GCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC	
	CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAG	
	GTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTAT	
	CCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA	

		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGC
		CTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTG
		ATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCA
		GAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1912	SEQ ID NO: 2069
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM
	NYLGWYHQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYADSVKG
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	RFTISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTAVYYCARD
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GTIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLA
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	PSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGAL
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTY
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	ICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
	SFNRGEC	ELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVS
		HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGST
		YRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI
		EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLT
		CLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH
		NHYTQKSLSLSPGK

IPS:360986	SEQ ID NO: 342	SEQ ID NO: 499
18F2.002		
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT
		ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA
		AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC
		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT
		GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
		TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
		ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
		GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGC
		GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
		GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
		GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT
		CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
		CTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGC
		CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
		CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
		ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
		AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA	
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT	
	CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG	
	GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC	
	AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT	
	GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC	
	AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC	
	TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA	
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC	
	CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC	
	AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC	
	CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA	
	GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG	
	CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA	
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT	
	GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC	
	AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG	
	GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG	

		CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1913	SEQ ID NO: 2070
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 343	SEQ ID NO: 500
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT			TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG			ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT			GCTGTATCTGCACATGAACAGCCTGAGAGCCGC
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA			GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT			GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA			GGCCAGGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			CTCCTCCAAGAGCACCCTCTGGGGGCACAGCGGC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			CCTGGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC

	AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
	GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
	AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
	TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
	CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
	AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCC
	CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
	GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
	CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
	GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
	AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
	GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
	CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
	CCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1914	SEQ ID NO: 2071
DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

AA

		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
		SFNRGEC
	SEQ ID NO: 344	SEQ ID NO: 501
iPS:360999	NA	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
18F2.004		TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCACC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGC
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
	ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA	GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT

AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			CTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC
			AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
			GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
			AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
			TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
			AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
			CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
			AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC

		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
		GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
		CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
		GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
		GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
		AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
		GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
		CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1915	SEQ ID NO: 2072
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYHQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 345	SEQ ID NO: 502
iPS:361005	18F2.005	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
			CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC
			TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG
			TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT
			GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA
			TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGGC
			AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT
			TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA
			AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC
			ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
			ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC
			TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC
			CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG
			TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC
			CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC
			AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
			GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
			AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
			TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
			AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
			CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
			AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
			CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
			GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
			CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
			GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
			GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
			AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
			GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG

		CTCTGCACAACCACTACACGGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1916	SEQ ID NO: 2073
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 346	SEQ ID NO: 503
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG			TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT			ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA			GCTGTATCTGCACATGAACAGCCTGAGAGCCGC
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC			GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT			GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA			GGCCAGGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			CTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC

		AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
		GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
		AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
		TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
		AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
		CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
		AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
		GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
		CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
		GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
		GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
		AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
		GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
		CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1917	SEQ ID NO: 2074
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
			NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
			HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

IPS:361013	SEQ ID NO: 347	SEQ ID NO: 504
18F2.007		
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCACC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT
		ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA
		AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC
		GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC
			AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
			GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
			AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
			TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
			AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
			CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
			AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
			CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
			GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
			CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
			GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
			GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
			AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
			GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG

			CTCTGCACAACCACTACACGGCAGAAGAGCCTCTC
			CCTGTCTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1918	SEQ ID NO: 2075
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
		NYLGWYHQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
		SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLHMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
		HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
			NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
			HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 348	SEQ ID NO: 505
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCACC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCCTAAGCGCC			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG			TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT			ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA			GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGC
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC			GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT			GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA			GGCCAGGGGAACCCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			CTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC

	AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
	GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
	AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
	TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
	CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
	AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
	CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
	GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
	CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
	GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
	AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
	GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
	CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
	CCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1919	SEQ ID NO: 2076
DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
NYLGWYHQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

AA

		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
		SFNRGEC
	SEQ ID NO: 349	SEQ ID NO: 506
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAG
NA	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGC
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGG
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
	ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA	GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT

AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			CTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC
			AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
			GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
			AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
			TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
			AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
			CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
			AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC

		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
		GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
		CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
		GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
		GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
		AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
		GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
		CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1920	SEQ ID NO: 2077
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNENYADAVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 350	SEQ ID NO: 507
iPS:361028	18F2.010	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
			CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT
			CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC
			CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC
			AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
			GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT
			GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG
			GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA
			ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT
			ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA
			AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA
			CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA
			TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT
			GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC
			CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT
			GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC
			CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC
			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC
			AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
			GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
			AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
			TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
			AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
			CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
			AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
			CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
			GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
			CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
			GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
			GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
			AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
			GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG

		CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
		CCTGTCTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1921	SEQ ID NO: 2078
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADSVKGRF
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAADTAVYYCARDGTIF
	HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 351	SEQ ID NO: 508
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCAT
	CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC	GCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT			TAATGAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG			ATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACAC
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT			GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA			GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAG
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT			GACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACTACTGG
ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA			GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCT
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA			CCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			CTCCTCCAAGAGCACCCTCTGGGGGCACAGCGGC
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			CCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAA
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			CCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTG
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			ACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTAC
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			AGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGCT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGAT
			CTCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTC

	AACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAAT
	GCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGC
	AGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCC
	TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACA
	AGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCC
	CCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGC
	AGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
	CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
	GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAG
	CGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT
	GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGC
	AAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG
	GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGG
	CTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTC
	CCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2079
AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRF
	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIF
	GVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	SEQ ID NO: 1922
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR
	NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ
	HNNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP

		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		KSFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
			NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
			HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

IPS:361035		SEQ ID NO: 352	SEQ ID NO: 509
18F2.012			
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGC
		CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC	ATGCACTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGC
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	AAGTAATGAAAAACTATGCAGACGCCGTGAAGG
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGA
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	ACACGGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
		ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	ATGGGACGATCTTTGGAGTGGTCTTGGGGGACT
		ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA	ACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCT
		AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	CAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCC
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	TGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCA
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	CAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACT
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	TCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGG
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	CTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGG

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		CACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GCCCACGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGG
		ACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCA
		CATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACC
		CTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCG
		TGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTG
		AGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGA
		ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAAC
		AAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATC
		TCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGT
		CAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGA
		GTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACT
		ACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC

		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG TAAA
	SEQ ID NO: 1923	SEQ ID NO: 2080
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR NYLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVP SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ HNNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK SFNRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKG RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG TIFGVVLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPS SKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTS GVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICN VNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELL GGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHED PEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCV SVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIS KAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFL YSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQK SLSLSPGK
	SEQ ID NO: 353	SEQ ID NO: 510

CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAAACCCAAGGAC
	ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACA
	TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
	GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
	GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
	GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA
	TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA
	AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT
	CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
	GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
	ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
	AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
	TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA
	CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
	CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
	AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
	ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
	CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
	TAAA

iPS:361039		SEQ ID NO: 1924	SEQ ID NO: 2081
2F11.003	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGM
		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG
		PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
		QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	TIFGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		SFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
			EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS
			VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
			AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
			YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
			SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
			LSLSPGK
		SEQ ID NO: 354	SEQ ID NO: 511
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGC

			GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA
			GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
			GATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACCAT
			CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA
			ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC
			TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT
			GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC
			ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG
			AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT
			TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA
			GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG
			ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA
			GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA
			GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC
			CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG
			AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA
			CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC
			AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT
			AAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGG
			GCCGATTCACCATCTCCAGCGACAATTCCAAGA
			ACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
			CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
			ATAGGACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACT
			GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
			CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
			CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAG
			CGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC
			CCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCG
			CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTG
			TCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
			GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCA
			CCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC
			CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAG
			CCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCA
			CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
			TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGAC
			ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACA
			TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
			GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG

		GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
		GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA
		TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA
		AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT
		CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
		GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
		AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
		TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA
		CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
		CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
		AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1925	SEQ ID NO: 2082
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG
	PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ	RFTISSDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	TIFGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS

		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
		SFNRGEC
	SEQ ID NO: 355	SEQ ID NO: 512
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG
	ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGC
	GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA	AAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGG
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	GCCGATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGA
	GATCTGGGACAGATTTAGTCTCACCAT	ACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
	ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC	ATAGGACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACT

TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT	GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG	
GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG	
ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG	CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAG	
AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT	CGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC	
TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	CCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCG	
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTG	
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	TCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA	
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA	GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCA	
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC	CCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC	
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAG	
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA	CCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCA	
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG	
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGAC	
	ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGTCACA	
	TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT	
	GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG	
	GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA	
	GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTGTGTCAG	
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA	
	TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA	
	AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT	

		CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
		GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
		AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
		TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA
		CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
		CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
		AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1926	SEQ ID NO: 2083
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG
	PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDIATYYCQ	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	TIFGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
	SFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
		EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS

		VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
		AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
		SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
		LSLSPGK
	SEQ ID NO: 356	SEQ ID NO: 513
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGGCGAGTCAGGAC
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
		GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
		GATCTGGGACAGATTTTAGTTTCACCAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC
		TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT
		GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC
		ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG
		AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT
		TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA
		CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGG
		CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGG
		GCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGC
		AAGTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGG
		GCCGATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGA
		ACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
		CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
		ATAGGACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACT
		GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
		CACCCTCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAG
		CGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC
		CCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCG

GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG			CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTG
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA			TCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA			GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC			CCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG			CCAGCAACACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAG
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA			CCCAAATCTTGTGACAAAAACTCACACATGCCCA
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC			CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGAC
			ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACA
			TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
			GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
			GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
			GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA
			TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA
			AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT
			CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
			GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
			ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
			AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
			TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA

		CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
		CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
		AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1927	SEQ ID NO: 2084
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKG
	PSRFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDFATYYCQ	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	TIFGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
	SFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
		EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS
		VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
		AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
		SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
		LSLSPGK

iPS:361055	SEQ ID NO: 357	SEQ ID NO: 514
2FI1.006		
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
		GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
		GATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACCAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC
		TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT
		GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC
		ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG
		AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT
		TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA
		GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG
		ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA
		GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA

		CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
		GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
		GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
		TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
		ATTCACCATCTCCAGCGACAATTCCAAGAACACG
		CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGG
		ACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGCC
		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCAC
		CAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCC
		TCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTG
		GGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGG
		TGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTC
		CTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACC
		GTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA

GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC	TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCA	
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	AGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTG	
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA	ACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCAC	
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	CTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTT	
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC	
	CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGAC	
	GTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC	
	TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC	
	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGC	
	ACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGC	
	ACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGT	
	GCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCAT	
	CGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCC	
	CCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCC	
	CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTG	
	ACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACA	
	TCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG	
	AGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGG	
	ACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT	
	CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAA	
	CGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTG	

			CACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGT
			CTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1928	SEQ ID NO: 2085
	AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGR
		PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDIATYYCQ	FTISSDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTI
		QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	FGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
			NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
			HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
			RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 358	SEQ ID NO: 515
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
		ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT

		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
		GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA	TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	ATTCACCATCTCCAGCGACAATTCCAAGAACACG
		GATCTGGGACAGATTTTAGTTTCACCAT	CTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAG
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA	GACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGG
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC	ACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGCC
		TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCAC
		GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC	CAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCC
		ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG	TCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTG
		AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT	GGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGG
		TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	TGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
		GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTC
		ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	CTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACC
		GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA	GTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
		GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC	TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCA
		CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	AGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTG
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA	ACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCAC
		CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	CTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTT
		AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CCCCCCAAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
			CGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGAC
			GTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC

		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGC
		ACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGC
		ACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGT
		GCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCAT
		CGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCC
		CCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCC
		CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTG
		ACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACA
		TCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG
		AGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGG
		ACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT
		CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAA
		CGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTG
		CACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGT
		CTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1929	SEQ ID NO: 2086
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGR
	PSRFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDFATYYCQ	FTISSDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTI
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	FGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK		TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST		TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK		KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
SFNRGEC		VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 359	SEQ ID NO: 516
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
	ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
NA	GATCTACGATGCATCCAATTTGGAAACA	TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	ATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGAACAC
	GATCTGGGACAGATTTTAGTTTCACCAT	GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA	GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAG
	ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC	GACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGC
	TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT	CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCA

GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC			CCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTC
ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG			CTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGGCCT
AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT			GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCG
TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA			GTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG			AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA			CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAC
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA			CGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTAC
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC			ATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG			AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCA
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC			CCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTC
			CCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGA
			CGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGC
			CAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG
			CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTG
			CACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAG
			TGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
			TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGC
			CCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATC

		CCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGAC
		ATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCG
		GAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGC
		TCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGA
		ACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCT
		GCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1930	SEQ ID NO: 2087
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGR
	PSRFSGSGSGTDFSFTISSLQPEDIATYYCQ	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTI
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	FGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
	SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 517
iPS:359949	NA	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
2F11.009		GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
		GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT
		GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAG
		TAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCG
		ATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGAACAC
		GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
		GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAG
		GACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGC
		CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCA
		CCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTC
		CTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT
		GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCG
		GTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAC
		CGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTAC

GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		ATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
CTGAGGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCA
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		CCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTC
		CCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGA
		CGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGC
		CAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG
		CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTG
		CACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAG
		TGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGC
		CCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATC
		CCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGAC
		ATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCG
		GAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGC
		TCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGA
		ACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCT

		GCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1931	SEQ ID NO: 2088
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADSVKGRF
	PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIF
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	GVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKP
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	SNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVF
	SFNRGEC	LFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFN
		WYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLH
		QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 361	SEQ ID NO: 518
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAACTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCAT
	ATTAGCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	GCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCT

AGAAACCAGGGAAAGCCCCCTAAGCTCCT			GGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAG
GATCTACGATGCATCCAATTTTGGAAACA			TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCG
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG			ATTCACCATCTCCAGGGACAATTCCAAGAACAC
GATCTGGGACAGATTTTAGTCTCACCAT			GCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGA
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA			GGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATAG
ACATATTACTGTCAACAGTATGATATTC			GACGATTTTTGGAGTGGTTCTTGACTACTGGGGC
TCCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGT			CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCA
GGAGATCAAGCGAACGGTGGCTGCACC			CCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTC
ATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATG			CTCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT
AGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGT			GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCG
TGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA			GTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG			AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA			CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCCGTGGTGAC
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA			CGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTAC
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC			ATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG			AAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCA
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC			CCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCT
AAAGAGCTTCAACAGGGAGAGTGT			TCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTC
			CCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGA
			CGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA

		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGC
		CAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAG
		CACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTG
		CACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAG
		TGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGC
		CCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATC
		CCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGAC
		ATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCG
		GAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGC
		TCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGA
		ACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCT
		GCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1932	SEQ ID NO: 2089
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMH
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLETGV	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADAVKGR
	PSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDFATYYCQ	FTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTI
	QYDILLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPS	FGVVLDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS

DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK		TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST		TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK		KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
SFNRGEC		VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKF
		NWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKS
		RWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

		SEQ ID NO: 362	SEQ ID NO: 519
iPS:359865		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
6H1.002		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA
		TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
		TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
		GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
		TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
		AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
		TACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCA	GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
		AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC	AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	AAGAGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT	
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	CCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCC	
	TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC	
	GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG	
	ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC	
	CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG	
	TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG	
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA	
	ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT	
	CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA	
	GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG	
	ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA	
	AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG	
	GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA	
	GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC	
	TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA	
	GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC	
	CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG	

			CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1933	SEQ ID NO: 2090
	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
		YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
		RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
		NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
		EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
		DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
		LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
		NRGEC	PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
			VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
			WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ
			VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES
			NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
			QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 363	SEQ ID NO: 520
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA

TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG		TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTC
TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT		ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA		ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC		CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATAGGACGAT
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT		TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
TACCCCTTCACTTTCGGCCCCTGGGACCA		GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC		AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG		AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC		GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCCGAACCGGTGAC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCC
		TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
		GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
		ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC

	CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
	TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA
	ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
	CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
	GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
	ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
	AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
	GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
	GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
	TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
	GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
	CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
	CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2091
AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFG
	VLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
	SEQ ID NO: 1934
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD
	YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH
	NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT

		LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF
		NRGEC
	SEQ ID NO: 364	SEQ ID NO: 521
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGGTTC
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	TTTTGGAGTGCTCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
	ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
	AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
	CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT

TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCC
			TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
			GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
			ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC
			CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
			TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA
			ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
			CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
			GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
			ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
			AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG

	GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
	GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
	TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
	GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
	CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
	CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2092
AA	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
	NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
	PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
	VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
	WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ
	VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES
	NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
	QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 522
	SEQ ID NO: 1935
	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH
	NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
	SFNRGEC
	SEQ ID NO: 365

iPS:359877			
6H1.005			
		NA	
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAA
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGGCTTC
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACA
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATAGGACGAT
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
ACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCAA	GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAA AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD
	SEQ ID NO: 1936
	SEQ ID NO: 2093
	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH

		WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRF
		TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFG
		VLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
		GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
		AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
		NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
		PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD
		WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ
		VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES
		NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 366	SEQ ID NO: 523
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTG
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	CAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATG
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	AGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGTAA
	GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	TAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTC
	GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	ACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGT
	GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	ATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGGCCGAGGACA

CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA		CGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGATGGGACGAT
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT		TTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAG
ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA		GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCA
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA		AGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		AAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCT
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		GCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		CTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACT
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CCTGGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCC
		TGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC
		GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG
		ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGC
		CGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTG
		TGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCA

		ACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
		CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAA
		GACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCC
		TTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA
		GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC
		CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACG
		CAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1937	SEQ ID NO: 2094
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADSVKGRF
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	TISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGTIF
	NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD	GVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKST
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	SGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPS
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	NTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF
	NRGEC	PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQD

WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK			

		SEQ ID NO: 367	SEQ ID NO: 524
		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGC
		ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT	CTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCA
		GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT	AGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGC
		GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG	CGCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC
		GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT	ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA	GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGAT
	NA	ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT	GGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTAC
		ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA	TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
		AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA	GCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTG
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	GCACCCTCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGGCACA
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTC
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGC

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		ACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		CCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGA
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		GCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGA
		CACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGTCAC
		ATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCC
		TGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGT
		GGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTG
		AGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGA
		ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAAC
		AAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATC
		TCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA
		GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGT
		CAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGA
		GTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACT
		ACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC

		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1938	SEQ ID NO: 2095
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGM
	YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADSVKG
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG
	NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD	TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPS
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	SKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTS
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	GVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICN
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	VNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELL
	NRGEC	GGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHED
		PEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCV
		SVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIS
		KAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFL
		YSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQK
		SLSLSPGK
	SEQ ID NO: 368	SEQ ID NO: 525

			IPS:361075
			6H1.008
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT	
CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT		GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG	
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC		TGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGC	
ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC		ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG	
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT		CTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGA	
GATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAGT		AGTAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGC	
GGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGTG		CGCTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAAC	
GATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAAT		ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC	
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGCA		GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGCGAGAT	
ACTTATTACTGTCTACAGCATAATAATT		GGGACGATTTTTGGAGTGCTCTTGGGGGACTAC	
ACCCCTTCACTTTCGGCCCTGGGACCAA		TGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	
AGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGCA		GCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTG	
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		GCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACA	
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTC	
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		CCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC	
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT	
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC	
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGC	
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		ACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAG	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		CCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGA	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		GCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC	

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAAACCCAAGGA	
	CACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCAC	
	ATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCC	
	TGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGT	
	GGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTG	
	AGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA	
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGA	
	ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAAC	
	AAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATC	
	TCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACA	
	GGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT	
	GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGT	
	CAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGA	
	GTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACT	
	ACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG	
	GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA	
	CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC	
	ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA	
	CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG	
	TAAA	

IPS:361079		SEQ ID NO: 1939	SEQ ID NO: 2096
6AS.004.001	AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD YLGWYQQKPGKAPKLLIYGASSLQSGVPS RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH NNYPFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPSD EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYADAVKG RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDG TIFGVLLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPS SKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTS GVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICN VNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELL GGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHED PEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCV SVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTIS KAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFL YSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQK SLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 369 GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	SEQ ID NO: 526 CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG TGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGGC ATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGG CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCA

GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA		AATAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGC
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG		CGATTCACCATCTCCAGAGACAGTTCCAAGAAC
GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT		ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA		GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC		CGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGG
TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT		GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCC
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA		TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCA
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA		CCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCG
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		GCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		GAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCC
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTC
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGC
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACC
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		CAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		AGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		CAAATCTTGTGACAAAAACTCACACATGCCCACC
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		GTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC
		CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG
		CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGA
		GGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGA

		GGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGTGTGAGG
		AGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCG
		TCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATG
		GCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA
		GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCC
		AAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGT
		GTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA
		AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACA
		AGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCT
		CCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA
		AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT
		GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT
		ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA
		AA
	SEQ ID NO: 1940	SEQ ID NO: 2097
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	HWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKYYADAVKG
	SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ	RFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	QYDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	TIFGVVLEYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS

		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 370	SEQ ID NO: 527
NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGGC
	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	ATGCACTGGGTCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCA
	GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA	AATAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGC
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	CGATTCACCATCTCCAGAGACAGTTCCAAGAAC
	GATCTGGGACAGATTTACTCTCACCAT	ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA	GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
	ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC	CGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGG

TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT			GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCC
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA			TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCA
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA			CCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCG
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT			GCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA			GAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCC
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG			CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTC
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA			CTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGC
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA			GTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACC
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC			CAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG			AGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA			CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACC
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC			GTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACAC
			CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG
			CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGA
			GGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGA
			GGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGG
			AGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCG
			TCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATG
			GCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA
			GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCC

		AAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGT
		GTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA
		AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACA
		AGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCT
		CCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA
		AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT
		GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT
		ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA
		AA
	SEQ ID NO: 1941	SEQ ID NO: 2098
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	HWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKYYADAVKG
	SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDIATYYCQQ	RFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	TIFGVVLEYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
	SFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
		EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS

		VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
		AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
		SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
		LSLSPGK
	SEQ ID NO: 371	SEQ ID NO: 528
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	TGCAGCGTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCTATGGC
	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	ATGCACTGGGTCCGCCAGCCTCCAGGCAAGGGG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	CTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCA
	GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA	AATAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGC
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	CGATTCACCATCTCCAGAGACAGTTCCAAGAAC
NA	GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT	ACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA	GAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAT
	ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC	CGGACGATTTTTGGAGTGGTCCTTGAGTACCTC
	TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT	GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCC
	GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA	TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCA
	TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCG
	GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT	GCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCC
	GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	GAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCC

GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTC
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGC
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACC
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		CAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCC
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		AGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACC
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		GTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC
		CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG
		CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGA
		GGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGA
		GGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGG
		AGCAGTACGGCAGCACCGTACCGTTGTGTCAGCG
		TCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATG
		GCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA
		GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCC
		AAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGT
		GTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA
		AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG
		GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACA

		AGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCT
		CCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA
		AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT
		GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT
		ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA
		AA
	SEQ ID NO: 1942	SEQ ID NO: 2099
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGM
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	HWVRQPPGKGLEWVAAIWYDANNKYYADAVKG
	SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ	RFTISRDSSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDR
	QYDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	TIFGVVLEYLGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSK
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	STSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVN
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	HKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGP
	KSFNRGEC	SVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
		KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVL
		TVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK
		GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPS
		DIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKL
		TVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSL
		SPGK

		SEQ ID NO: 372	SEQ ID NO: 529
jPS:361095		GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
6AS.004.004		CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
		ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT
		GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA	GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCAAA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAG
		GATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCAT	GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA	CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
	NA	ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC	CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
		TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT	GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
		GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA	TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGGGGCC
		TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
		GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
		GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
		ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA

GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC

		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1943	SEQ ID NO: 2100
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP SRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDFATYYCQQ YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK SFNRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQG TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA

		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 373	SEQ ID NO: 530
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
		ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT
		GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
		GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC
		TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT
		GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA
		TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA

GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT			CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA			CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG			GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA			CAAGGACTACTTCCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA			GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC			GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG			ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA			AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC			TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG

		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCGCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1944	SEQ ID NO: 2101
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN
	SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDIATYYCQQ	NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
	YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYLGQGT
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA

VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST		LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK		PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
SFNRGEC		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 374	SEQ ID NO: 531
	NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
		GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
		GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
		TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
		GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT
		GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCAAA
		TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAG
		GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
		CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA

ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC		CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT		GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA		TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACCTCGGCC
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		GGGGCACAGCAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC

TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT GTCTCCGGGTAAA	SEQ ID NO: 2102
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF

		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP
		SRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDFATYYCQQ
		YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK
		SFNRGEC
	SEQ ID NO: 375	SEQ ID NO: 532
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
	CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
NA	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGGCTGGAGT

GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA		GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCAAA
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG		TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAG
GATCTGGGACAGATTTTACTTTCACCAT		GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATATTGCA		CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC		CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT		GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA		TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGGGGCC
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC

AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACCGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA

		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1946	SEQ ID NO: 2103
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN
	SRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQQ	NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
	YDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQG
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 376	SEQ ID NO: 533

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGGACAGAGT		GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC		GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC		TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT		GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT
GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA		GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGGAAA
GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG		TAATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAG
GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT		GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA		CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC		CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT		GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA		TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGGGGCC
TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT

NA

iPS:361113

6A5.004.008

CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT	
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT	
	GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT	
	GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC	
	CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC	
	AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG	
	GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG	
	AGGTCACATGCGTGGTGGACGTGAG	
	CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC	
	TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA	
	ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC	
	AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG	
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG	
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG	
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA	
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG	
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA	
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC	
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG	
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG	
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC	

		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1947	SEQ ID NO: 2104
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDGN
	SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ	NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
	QYDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQG
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	KSFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP

		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 377	SEQ ID NO: 534
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
	CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT	GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
	CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC	GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCTCC
	ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC	TTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT	GCCAGCCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGT
	GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA	GGGTGGCAGCTATATGGTATGATGCAAA
	GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG	TAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAG
	GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT	GGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAGTT
NA	CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA	CCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAA
	ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC	CAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
	TATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGT	GTATTACTGTGCGAGAGATCGGACGATT
	GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA	TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACTGGGGCC
	TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
	GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
	GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
	GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
	ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG

GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA

	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
	CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
	CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
	ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
	GTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1948	SEQ ID NO: 2105
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN
SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ	NKYYADSVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
QYDDLFTFGPGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQG
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
KSFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
	PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT

AA

		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 378	SEQ ID NO: 535
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
		ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT
		GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
		GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA
		ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC
		TATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGT
		GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA
		TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA

GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG		GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG

	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
	CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
	CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
	ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
	GTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1949	SEQ ID NO: 2106
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP	SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN
SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ	NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
QYDDLFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYWGQG
SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA

AA

		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 379	SEQ ID NO: 536
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTGGGGGACAGAGT
		CACCATCACTTGCCAGGCGAGTCAGGAC
		ATTACCAACTATTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAACTCCT
		GATCTACGATGCTTCCAATTTGGAGCCA
		GGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGAAGTG
		GATCTGGGACAGATTTTACTCTCACCAT
		CAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCA
		ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
		FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK

	ACATATTACTGTCAACAGTATGATGATC	CAGCCTGAGAGAGCCGAGGACACGGCTGT
	TATTCACTTTCGGCCAAGGGACCAAAGT	GTATTACTGTGTGCGAGAGATCGGACGATT
	GGATATCAAACGAACGGTGGCTGCACCA	TTTGGAGTGGTCCTTGAGTACCTCGGCC
	TCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
	GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTT	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
	GTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCCCA	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
	GAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGTGG	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
	ATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCCCA	CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
	GGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGCAA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
	GGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACC	GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
	CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
	AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCA	AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
	CCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCAC	TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
	AAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC

TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA	
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC	
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG	
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG	
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG	
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA	
TCGAGAAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG	
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA	
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC	
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG	
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG	
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC	
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC	
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC	
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG	
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA	
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA	
ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT	
GTCTCCGGGTAAA	
SEQ ID NO: 1950	SEQ ID NO: 2107
AA	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIT	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF

iPS:359567		NYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASNLEPGVP
		SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQ
		QYDDLFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP
		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
2A11.002		
	NA	SEQ ID NO: 380
		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATT
		TTTACCAGCACCTACTTAGCCTGGTACC
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCT
		SSYGMHWVRQPPGKGLEWVAAIWYDAN
		NKYYADAVKGRFTISRDSSKNTLYLQMNS
		LRAEDTAVYYCARDRTIFGVVLEYLGQGT
		LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
		LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
		PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 537
		CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA
		GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
		GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAG
		TTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTC
		CGCCAGGCTCCAGGCAAGGGACTGGAG

CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC		TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAA
ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA		GTAATAAATACTATGAAGACGCCGTGAA
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC		GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAAT
CATCAGCAGATTGGAGCCTGAAGATTTT		TCCAAGAACACGCTGTTTCTGCAAGTGA
GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA		ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTG
GCTCACCTCGCTTCGGCCAAGGGACACG		TGTATTACTGTGCGAGAGGGATTACGAT
ACTGGAGATTAAACGAACGGTGGCTGCA		TTTTGGTCATGGGTTTGAATATTGGGGC
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC

AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA

		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1951	SEQ ID NO: 2108
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	TYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	SSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDAS
	DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQ	NKYYEDAVKGRFTISRDNSKNTLFLQVNS
	QYGSSPRFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARGITIFGHGFEYWGQGT
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 381	SEQ ID NO: 538

			IPS:333965
		2A11.003	
GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGA	
CCCTGTCTCTTTGGTCTCCAGGGGAAAGAGC		GGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA	
CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATT		GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAG	
TTTACCAGCACACCTACTTAGCCTGGTACC		TTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTC	
AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCT		CGCCAGGCTCCAGGCAAGGGACTGGAG	
CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC		TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAA	
ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA		GTAATAAATACTATGAAGACTCCGTGAA	
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC		GGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAAT	
CATCAGCAGATTGGAGCCTGAAGATTTT		TCCAAGAACACGCTGTTTCTGCAAGTGA	
GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA		ACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTG	
GCTCACCTCGCTTCGGCCAAGGGACACG		TGTATTACTGTGCGAGAGGGATTACGAT	
ACTGGAGATTAAACGAACGGTGGCTGCA		TTTTGGTCATGGGTTTGAATATTGGGGC	
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA		CAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG	
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC	
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC		CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT	
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG	
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC	
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC	
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AGCGGCGTGCACACCTTCCCCGGCTGTCC	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC	

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT	
	GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT	
	GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC	
	CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC	
	AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG	
	GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG	
	AGGTCACATGCGTGGTGGACGTGAG	
	CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC	
	TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA	
	ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC	
	AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG	
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG	
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG	
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA	
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG	
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA	
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC	
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG	
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG	
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC	

		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1952	SEQ ID NO: 2109
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSF
	TYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	SSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGS
	DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQ	NKYYEDSVKGRFTISRDNSKNTLFLQVNS
	QYGSSPRFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPS	LRAEDTAVYYCARGITIFGHGFEYWGQGT
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTF
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP

SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK				

IPS:361158		SEQ ID NO: 382	SEQ ID NO: 539
2A11.004		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GGTCCAGCCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATT	TGCAGCGTCTGGATTCAGTTTCAGTAGCTATGG
		TTTACCAGCACACCTACTTAGCCTGGTACC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGG
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCT	ACTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGG
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	AAGTAATAAATACTATGAAGACGCCGTGAAGG
		ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGA
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	ACACGCTGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGAGAG
		CATCAGCAGATTGGAGCCTGAAGATTTT	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
		GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	GGATTACGATTTTTGGTCATGGGTTTGAATATTG
		GCTCACCTCGCTTCGGCCAAGGGACACG	GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
		ACTGGAGATTAAACGAACGGTGGCTGCA	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGC
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	ACCCTCCTCCTCCAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGC
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCC
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	CCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGT
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	CCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCAC

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	CCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCAC	
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	CGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGT	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA	
	CCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACAT	
	GCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTG	
	AGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGG	
	AGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAG	
	GAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGC	
	GTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT	
	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA	
	AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTC	
	CAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGG	
	TGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGA	
	CCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA	
	AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGT	
	GGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTAC	
	AAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGC	
	TCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA	
	AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT	

		GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA AA
	SEQ ID NO: 1953	SEQ ID NO: 2110
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTS TYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQ QYGSSPRFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPS DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK SFNRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGM HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSNKYYEDAVKG RFTISRDNSKNTLFLQVNSLRAEDTAVYYCARGITI FGHGFEYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLT VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG QPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSD IAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLT VDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLS PGK
	SEQ ID NO: 383	SEQ ID NO: 540

		iPS:361165	
		2A11.005	
	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGATT	TGCAGCGTCTGGATTCAGTTTCAGTAGCTATGG
		TTTACCAGCACACCTACTTAGCCTGGTACC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGG
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCT	ACTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGC
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	AAGTAATAAATACTATGAAGACTCCGTGAAGGG
		ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	CCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAA
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CACGCTGTTTCTGCAAGTGAACAGCCTGAGAGC
		CATCAGCAGATTGGAGCCTGAAGATTTT	CGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGG
		GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	GATTACGATTTTTGGTCATGGGTTTGAATATTGG
		GCTCACCTCGCTTCGGCCAAGGGACACG	GGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCC
		ACTGGAGATTAAACGAACGGTGGCTGCA	TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCA
		CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	CCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCG
		TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	GCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCC
		GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	GAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGCC
		CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	CTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTC
		GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	CTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGC
		CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	GTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACC
		AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	CAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	AGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
		AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACC

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATG CGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGA GGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGA GGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGG AGCAGTACGGCAGCACCGTACCGTTGTGTCAGCG TCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATG GCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCC AAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGT GTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTG GGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACA AGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCT CCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA AA

		SEQ ID NO: 1954	SEQ ID NO: 2111
	AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQIFTS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGM
		TYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	HWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYEDSVKG
		DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQ	RFTISRDNSKNTLFLQVNSLRAEDTAVYYCARGITI
		QYGSSPRFGQGTRLEIKRTVAAPSVFIFPPS	FGHGFEYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKS
		DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVH
		VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	TFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNH
		LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPS
		SFNRGEC	VFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK
			FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLT
			VLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKG
			QPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSD
			IAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLT
			VDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLS
			PGK
iPS:361172		SEQ ID NO: 384	SEQ ID NO: 541
2G10_LC1.003	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
		CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	TGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGG
		GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCGAGGG
		AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGC

			AAGTGATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGG
			GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGA
			ACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
			CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
			ATCAGGCGATTTTTGGAGTGGTCCCCGACTACT
			GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
			CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
			CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAG
			CGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC
			CCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCG
			CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTG
			TCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
			GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCA
			CCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC
			CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAG
			CCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCA
			CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
			TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGAC
			ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGTCACA
			TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
			GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT			
GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG			
GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT			
CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCA			
GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT			
GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA			
GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC			
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			

	GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGA
	GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA
	TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA
	AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT
	CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
	GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
	ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
	AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
	TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA
	CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
	CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
	AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
	ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
	CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
	TAAA
SEQ ID NO: 1955	SEQ ID NO: 2112
AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP ARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQ QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM HWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYYADAVKG RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQ AIFGVVPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS

		PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 385	SEQ ID NO: 542
	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	TGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGG
	GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCGAGGG
	AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGC
	CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT	AAGTGATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGG
	GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG	CCGATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGAA
	GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT	CACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGC
	CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCA	CGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGA
	GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT	TCAGGCGATTTTTGGAGTGGTCCCCGACTACTG

GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA			GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGC
GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC			CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			ACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGC
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			GGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			CGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCGC
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			CCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGT
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			CCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCAC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			CCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			CAGCAACACCACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCAC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			CGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGT
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACA
			CCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGTCACAT
			GCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTG
			AGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGG
			AGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAG
			GAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGC
			GTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA
			AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTC

		CAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGG
		TGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGA
		CCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGT
		GGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTAC
		AAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGC
		TCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA
		AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCAT
		GCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACT
		ACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTA
		AA
	SEQ ID NO: 1956	SEQ ID NO: 2113
AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
	SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	HWVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYYADSVKG
	ARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQ	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQ
	QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	AIFGVVPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
	PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
	KSFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
		EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS

		VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
		AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
		SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
		LSLSPGK
	SEQ ID NO: 386	SEQ ID NO: 543
	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGT
	CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTG
	CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	TGCAGCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGG
	GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CATGCACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCGAGGG
	AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	GCTGGAGTGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGG
	CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT	AAGTGATAAATACTATGCAGACGCCGTGAAGG
	GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACTCCAAGA
NA	GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT	ACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAG
	CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCA	CCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG
	GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT	ATCAGGCGATTTTTGGAGTGGTCCCCGACTACT
	GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA	GGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAG
	GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
	ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAG
	ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	CGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC
	TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGCG

CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		CCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTG
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		TCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCA
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		CCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		CCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCA
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		CCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGAC
		ACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACA
		TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCT
		GAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
		GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGTGTGA
		GGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA
		TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACA
		AAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCT
		CCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAG
		GTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATG
		ACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTC
		AAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAG
		TGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTA

		CAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGG
		CTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC
		AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTC
		ATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGG
		TAAA
	SEQ ID NO: 1957	SEQ ID NO: 2114
	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGM
	SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	HWVRQAPGEGLEWVAAIWFDGSDKYYADAVKG
	ARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQ	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQ
	QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	AIFGVVPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSS
	PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	KSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSG
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	VHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNV
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	NHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
AA	KSFNRGEC	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDP
		EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVS
		VLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISK
		AKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY
		SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKS
		LSLSPGK

		SEQ ID NO: 387	SEQ ID NO: 544
jPS:361192		GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG
2G10_LC1.006		CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	GCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCA
		GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCGAGGGGCTGGAG
		AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	TGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGATAA
		CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT	ATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC
		GGTATCCCAGCCAGGGTCAGTGGCAGTG	ATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCT
		GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT	GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT
		CAGCAGCCTGCAGTCTGAAGATTTTGCA	GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGG
		GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT	AGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
		GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA	GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
		GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC	GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCT
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	TCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGGCAGGACAG	GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCAC

CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCG
		TGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
		CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
		CATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGT
		ACGGCAGCACCGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACC
		GTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGT
		ACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC
		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGG
		CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCC
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAG
		CCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCG
		ACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT
		CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC
		GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA
		CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTC

jPS:359609			CGGGTAAA
2G10_LC1.007			SEQ ID NO: 2115
	AA	SEQ ID NO: 1958	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMH
		EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	WVRQAPGEGLEWVAAIWFDASDKYYADAVKGRFT
		SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQAIFGV
		ARVSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFAVYYCQ	VPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
		QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
		PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKV
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	DKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVE
		KSFNRGEC	VHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKE
			YKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR
			EEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENN
			YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS
			VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 388	SEQ ID NO: 545
		GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG
		CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	GCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCA
		GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAG
		AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	TGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGATAA

CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT			ATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC
GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG			ATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCT
GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT			GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT
CAGCAGCCTGGAGCCTGAAGATTTTGCA			GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGG
GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACTT			AGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
CCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAG			GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
GTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGCA			GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA			CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA
TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT			GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG
GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC			AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCT
CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT			TCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC			CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC			GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCAC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			TCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCG
			TGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
			CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
			CATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGT

		ACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACC
		GTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGT
		ACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC
		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGG
		CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAG
		CCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCG
		ACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT
		CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC
		GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA
		CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTC
		CGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1959	SEQ ID NO: 2116
AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMH
	SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	WVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDKYYADAVKGRFT
	ARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQ	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQAIFGV
	QYNNFPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	VPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
	PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKV

		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 389	SEQ ID NO: 546
jPS:359615	NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA
		CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT
		GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC
		AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT
		CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT
		GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG
		GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT
		CAGCAGCCTGGAGCCTGAAGATTTTGCA
		GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT
		ATCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA
		GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
2G10_LC1.008		DKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK
		DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVE
		VHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKE
		YKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR
		EEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENN
		YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS
		VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

	ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG	
	TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATTC	AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCT	
	CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	TCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC	
	TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT	
	CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCAC	
	CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG	
	ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	AGCCCAAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC	
	AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG	
	CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC	
	ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCG	
		TGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT	
		CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG	
		CATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGT	
		ACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACC	
		GTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGT	
		ACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC	
		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGG	
		CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC	
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAG	
		CCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCG	
		ACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC	

		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT
		CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC
		GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA
		CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTC
		CGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1960	SEQ ID NO: 2117
AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMH
	SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	WVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDKYYADAVKGRFT
	ARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQ	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQAIFGV
	QYNNYPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	VPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
	PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKV
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	DKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK
	KSFNRGEC	DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVE
		VHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKE
		YKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR
		EEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENN
		YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS
		VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 390	SEQ ID NO: 547

			iPS:361196
			2G10_LC1.009
GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	NA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG	
CCCTGTCTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC		TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA	
CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT		GCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCA	
GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC		CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCGAGGGGCTGGAG	
AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT		TGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGATAA	
CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT		ATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC	
GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG		ATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCT	
GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT		GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT	
CAGCAGCCTGGAGCCTGAAGATTTTGCA		GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGG	
GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT		AGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG	
GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA		GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC	
GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC		GGTCTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT	
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG		CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA	
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC		GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG	
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC		AACTCAGGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCT	
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG		TCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC	
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC		CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT	
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG		GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCAC	
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG	
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC	
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG	

CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC CGTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCG TGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG CATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGT ACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACC GTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGT ACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGG CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCC CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAG CCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCG ACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTC CGGGTAAA
AA	SEQ ID NO: 1961	SEQ ID NO: 2118
	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMH

		SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP
		ARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQ
		QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP
		PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 391	SEQ ID NO: 548
NA	GAAATAGTGATGACGCAGTCTCCAGCCA	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG
	CCCTGTCTGTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
	CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	GCATCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGCA
	GTTAGCAGCAACTTAGCCTGGTACCAGC	CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAG
	AGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCT	TGGGTGGCAGCTATATGGTTTGATGCAAGTGATAA
	CATCTATGGTGCAGCCACCAGGGCCACT	ATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCACC
	GGTATCCCAGCCAGGTTCAGTGGCAGTG	ATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCT
	GGTCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCAT	GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCT

CAGCAGCCTGGAGCCTGAAGATTTTGCA			GTGTATTACTGTGCGAGAGATCAGGCGATTTTTGG
GTTTATTACTGTCAGCAGTATAATAACT			AGTGGTCCCCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
GGCCTCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAA			GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
GGTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC			GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCT
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			CTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAA
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			GGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGG
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			AACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			TCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCAC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			ACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAC
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCG
			TGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
			CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
			CATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGT
			ACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACC
			GTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGT
			ACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGC

		CCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGG
		CAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCC
		CATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAG
		CCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCG
		ACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCC
		GGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG
		GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCT
		CACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAAC
		GTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA
		CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTC
		CGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1962	SEQ ID NO: 2119
AA	EIVMTQSPATLSVSPGERATLSCRASQSVS	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMH
	SNLAWYQQKPGQAPRLLIYGAATRATGIP	WVRQAPGKGLEWVAAIWFDASDKYYADAVKGRFT
	ARFSGSGSGTEFTLTISSLEPEDFAVYYCQ	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQAIFGV
	QYNNWPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFP	VPDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
	PSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVL
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	QSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKV
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	DKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK
	KSFNRGEC	DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVE
		VHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKE

YKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR			
EEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENN			
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS			
VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK			

IPS:359644		SEQ ID NO: 392	SEQ ID NO: 549
18E3.002			
	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGT
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG
		ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGCCTGG
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT	AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT
		ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
		CATCAGCAGACTGGAGCCTGATGATTTT	TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG
		GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	GTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
		GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC	GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
		CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC	CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
		TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT	CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
		CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
		CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT	GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC
		ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA	TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
		AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA	CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
		CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA	GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA

CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC	GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC	
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT	CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT	
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG	GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC	
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC	TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG	
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA	ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG	
GTGT	GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA	
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA	
	AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG	
	TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG	
	GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT	
	CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA	
	CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA	
	CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT	
	GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA	
	AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG	
	GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA	
	CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT	
	TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG	
	TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG	
	CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG	
	CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA	

		iPS:361206
		18E3.003
AA	SEQ ID NO: 1963	SEQ ID NO: 2120
	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPDDFAVYYCQ QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT KSFNRGEC	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGYYWS WIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH YTQKSLSLSPGK
NA	SEQ ID NO: 393	SEQ ID NO: 550
	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGT GAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGCCTGG AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT

	ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA		CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
	GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC		CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
	CATCAGCAGACAGGAGCCTGATGATTTT		TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG
	GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA		GTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
	GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC		GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
	CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC		CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
	TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT		CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
	CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
	CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT		GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC
	ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA		TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
	AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA		CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
	CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA		GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA
	CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC		GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
	AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT		CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
	ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
	AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC		TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG
	CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA		ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
	GTGT		GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA
			AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG
			TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG

		GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT
		CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA
		CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA
		CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG
		GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA
		CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT
		TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG
		CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1964	SEQ ID NO: 2121
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGYYWS
	SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	WIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT
	DRFSGSGSGTDFTLTISRQEPDDFAVYYCQ	SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG
	QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP	MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM
	KSFNRGEC	ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK

		TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS
		NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ
		VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD
		SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH
		YTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 394	SEQ ID NO: 551
	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGT
	CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT
	CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG
	ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGCCTGG
	AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT	AGTGGATTTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT
	CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT
	ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
NA	GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
	CATCAGCAGACTGGAGCCTGATGATTTT	TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG
	GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	GTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
	GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC	GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
	CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC	CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
	TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT	CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
	CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
	CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT	GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC

ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA			TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA			CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA			GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA
CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC			GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT			CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG			GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC			TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA			ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
GTGT			GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA
			AGACAAAGCCGTGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG
			TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG
			GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT
			CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAAA
			CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA
			CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
			GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
			AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG
			GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA
			CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT
			TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG

		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG
		CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1965	SEQ ID NO: 2122
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISSGGYYWS
	SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	WIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT
	DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPDDFAVYYCQ	SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG
	QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP	MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM
	KSFNRGEC	ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK
		TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS
		NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ
		VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD
		SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH
		YTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 395	SEQ ID NO: 552

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	NA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGT	
CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGGAAAGAGC		GAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT	
CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT		CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG	
ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC		GAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGG	
AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCCGGCT		AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT	
CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC		ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT	
ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA		CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG	
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC		CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT	
CATCAGCAGACTGGAGCCTGATGATTTT		TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG	
GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA		GTTATGGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG	
GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC		GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG	
CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC		CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG	
TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT		CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG	
CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT	
CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT		GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC	
ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA		TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC	
AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA		CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG	
CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA		GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA	
CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC		GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC	
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT		CCAAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT	
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGGACCGTCAGTC	

AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA GTGT		TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG ATCTCCCCGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1966	SEQ ID NO: 2123
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGYYWS WIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT

		DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPDDFAVYYCQ
		QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP
		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 396	SEQ ID NO: 553
	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGT
	CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT
	CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG
	ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	GAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGG
NA	AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT	AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT
	CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT
	ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
	GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
	CATCAGCAGACTGGAGCCTGATGATTTT	TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG

GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA				GTTATGGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC				GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC				CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT				CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC				TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT				GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC
ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA				TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA				CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA				GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA
CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC				GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT				CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG				GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC				TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA				ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
GTGT				GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
				CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA
				AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG
				TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG
				GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT
				CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA
				CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA

		CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG
		GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA
		CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT
		TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG
		CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1967	SEQ ID NO: 2124
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISSGGYYWS
	SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	WIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT
	DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPDDFAVYYCQ	SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG
	QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP	MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM
	KSFNRGEC	ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK
		TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS
		NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ
		VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD

			SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH
			YTQKSLSLSPGK
iPS:361214		SEQ ID NO: 397	SEQ ID NO: 554
18E3.007	NA	GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA	CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGGCCCAGGACTGGT
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC	GAAGCCTTCAGAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT	CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG
		ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC	GAGCTGGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGG
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT	AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC	ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT
		ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA	CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
		GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC	CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
		CATCAGCAGACAGGAGCCTGATGATTTT	TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG
		GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA	GTTATGGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
		GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC	GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
		CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC	CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
		TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT	CACCTCTGGGGGGCACAGCGGGCCCTGGGCTGCCTGG
		CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
		CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT	GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC
		ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA	TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
		AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA	CTCAGCAGCCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
		CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA	GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA

CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC		GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT		CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC		TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA		ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
GTGT		GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA
		AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG
		TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG
		GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT
		CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAA
		CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA
		CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG
		GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA
		CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT
		TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG
		CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA

iPS:361218		
18E3.008		
NA	AA	SEQ ID NO: 1968
		EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY
		SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP
		DRFSGSGSGTDFTLTISRQEPDDFAVYYCQ
		QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP
		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
		SEQ ID NO: 398
		GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCA
		CCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGC
		CACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGT
		ATTAGTTACAGTTACTTAGCCTGGTACC
		AGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCCGGCT
		CCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCC
		SEQ ID NO: 2125
		QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGDSISSGGYYWS
		WIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT
		SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG
		MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
		ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
		GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
		VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM
		ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK
		TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS
		NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ
		VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD
		SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH
		YTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 555
		CAGGTGCAGTTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGT
		GAAGCCTTCACAGACCCTGTCCCTCACCTGCACTGT
		CTCTGGTGACTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTG
		GAGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGCCTGG
		AGTGGATTGGGTACATCTATTACAGTGGGAGCACCT
		ACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATAT

ACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCA		CAGTAGACACGTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAG
GTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCAC		CTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGTGTAT
CATCAGCAGACAGGAGCCTGATGATTTT		TACTGTGCGAGAGATCGTATTACGATTTTTGGAGTG
GCAGTGTATTACTGTCAGCAGTATGGTA		GTTATGGGGGGCGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
GTTCACCGCTCACTTTCGGCGGAGGGAC		GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGG
CAAGGTGGAGATCAAACGAACGGTGGC		CCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAG
TGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCAT		CACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
CTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGT
CTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCT		GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACC
ATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGA		TTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCC
AGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAA		CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTG
CTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGA		GGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAA
CAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC		GCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGC
AGCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACT		CCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGT
ACGAGAAACACAAAGTCTACGCCTGCG		GCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC
AAGTCACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCC		TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATG
CGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGA		ATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
GTGT		GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCA
		AGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACG
		TACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAG

		GACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGT
		CTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAAA
		CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCA
		CAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGAT
		GACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCA
		AAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGG
		GAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGA
		CCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCT
		TCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATG
		CATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAG
		CCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1969	SEQ ID NO: 2126
AA	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSISY	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGDSISSGGYYWS
	SYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGIP	WIRQPPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDT
	DRFSGSGSGTDFTLTISRQEPDDFAVYYCQ	SKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDRITIFGVVMGGG
	QYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPP	MDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS
	KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS	GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
	TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT	VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM
	KSFNRGEC	ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK

		TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS
		NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ
		VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD
		SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH
		YTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 399	SEQ ID NO: 556
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	GAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGG
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	CTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCCACT
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGG
	ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	ATGGGGTGGATCAACCCTGAAAGTGGTGGCACAGA
	ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	CTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCACCATGAC
	GCATCTACCCGGGAATCCGGGTCCCTG	CAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACATGGAAC
NA	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TGAACAGGCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGTAT
	AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	TACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTTTGGAATGGTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT	ATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTG
	GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	GTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCG
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	GTCTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGA
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	CTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTC
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	AGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGG

CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			CTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			AACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			TTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTT
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			CCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCG
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			GACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGACGTGA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTAC
			GTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAA
			GCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTT
			GTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGC
			TGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAAC
			AAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTC
			CAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGT
			ACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAG
			AACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTC
			TATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
			TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTC
			CCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATA
			GCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG

		GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCT CTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1970	SEQ ID NO: 2127
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYLAWYQQPGHPPKLLIYWAST RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIHW VRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRFQGRVTMT RDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGMVIV PFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLM ISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAK TKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS NKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQ VSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNH YTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 400	SEQ ID NO: 557

CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1971	SEQ ID NO: 2128

iPS:361236		
5C2.008		
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSSNNKNYIAWYQQQPGHPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRFQGRFT
	RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
	AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 401	SEQ ID NO: 558
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACGGCTGGTGGC
	ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCA
	GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA

ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG			
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT			
CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT	TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC			
GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC			
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC			
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC			
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC			
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC			
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG			
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT			
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA			
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC			
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC			
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG			
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACC			
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAG			
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG			
	ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG			
	CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT			
	GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA			
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT			

		GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1972	SEQ ID NO: 2129
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSSNNKNYLAWYQQPGHPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQRFQGRVT
	RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
	AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD

		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 402	SEQ ID NO: 559
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACGCTGGTGGC
	ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGTTCA
	GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
NA	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGAATTTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT	TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
	GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC

CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
			GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
			GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
			CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
			GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
			CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
			CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
			ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
			TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
			CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA

		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1973	SEQ ID NO: 2130
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYIAWYQQQPGHPPKLLIYWAST RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH WVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQRFQGRFT MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 403	SEQ ID NO: 560

iPS:361240			
5C2.010			
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACAGTGGTGGC
		ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCA
		GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
		CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTTACT	TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
		GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
		CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
		CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAAGAAAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG

AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1974	SEQ ID NO: 2131
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH

		SSSNNKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWAST
		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV
		AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 404	SEQ ID NO: 561
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACAGTGGTGGC
	ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGTTCA
	GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG

AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT	
CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTTACT	TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC	
GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC	
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC	
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC	
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC	
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC	
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG	
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT	
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA	
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC	
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC	
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG	
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC	
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAG	
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG	
	ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG	
	CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT	
	GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA	
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT	
	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG	

		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1975	SEQ ID NO: 2132
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSSNNKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRFQGRFT
	RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
	AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN

		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 405	SEQ ID NO: 562
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG
		ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG
		GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT
		GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG
		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG

CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GTCACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
			GAGGAGCAGTACGGCAGCACCGTACCGTTGTGTCA
			GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
			CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
			GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
			CCCTGCCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
			CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
			ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
			TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
			CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
			TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG

		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1976	SEQ ID NO: 2133
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL SSNNKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWAST RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH WVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYSQRFQGRVT MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 406	SEQ ID NO: 563
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGTGA

CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT		GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT		ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG		GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACGCTGGTGGC
ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG		ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGTTCA
GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC		CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT		TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACC

AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT		CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA	
	SEQ ID NO: 1977	SEQ ID NO: 2134
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYLAWYQQKPGHPPKLLIYWAST	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH WVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQRFQGRFT

		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV
		AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 407	SEQ ID NO: 564
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
NA	ACATAGCTTGGTACCAGCAGCAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACGCTGGTGGC
	ACATCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCA
	GCATCTACCCGGGAATCCGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGGCTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT

CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT		TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGCCTCCACC
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
		ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
		CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
		GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
		GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA

	GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
	CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
	ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
	CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
	TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
	CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
	GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
	TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1978	SEQ ID NO: 2135
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
SSNNKNYIAWYQQPGHPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQRFQGRVT
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
	GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
	GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP

PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK				

		SEQ ID NO: 408	SEQ ID NO: 565
iPS:359669		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
5C2.015		CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		ACATAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAACCCTGACGCTGGTGGC
		ACAACCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG	ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCA
		GCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CATGGAACTGAACAGCCTGAGATCTGACGACACG
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
	NA	CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT	TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
		GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGGTGGTGACCGTGCCCT
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA

TGTCACAGAGCAGGACAAGGACAG		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
		ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
		CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
		GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
		GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC

			TCCCTGTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 1979	SEQ ID NO: 2136
	AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
		SSSNNKNYIAWYQQKPGQPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPDAGGTDYSQRFQGRVT
		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNSLRSDDTAVYYCAREATIFGM
		AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
			GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
			GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
			PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
			NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
			CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 409	SEQ ID NO: 566
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATCC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		ACATAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGGTGGATCAACCCTGAAAGTGGTGGC

iPS:359678
5C2.016

ACAACCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGG			ACAGACTATTCACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCA
GCATCTACCCGGGAATCCGGGGGTCCCTG			CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
ACCGATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGGAC			CATGGAACTGAACAGCCTGAGATCTGACGACACG
AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTG			GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
CAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACT			TGGAATGGTTATTGTACCGTTTGACTACTGGGGCC
GTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGAC			AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT			AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC			CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT			TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT

	GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
	CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
	GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
	CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
	ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
	CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
	TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
	CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
	GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
	TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1980	SEQ ID NO: 2137
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWAST	WVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYSQRFQGRVT
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELNSLRSDDTAVYYCAREATIFGM
AVFYCQQYYSTPWTFGQGTKVEIKRTVA	VIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN

		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
		SEQ ID NO: 410
iPS:361275	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG
		ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGGTCCCTG
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
11C1.002		TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 567
		CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
		ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
		GTGGATGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAA
		ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		TATGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACACG
		GCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
		TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC

TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT			TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
			GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
			GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
			CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
			GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
			CCCTGCCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
			CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
			ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA

	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
	CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
	TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
	CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
	GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
	TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 1981	SEQ ID NO: 2138
DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	WVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKFQDRVT
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCAREATIFGM
AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
	GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
	GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
	PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
	NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
	CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
SEQ ID NO: 411	SEQ ID NO: 568

AA

iPS:361282		
11C1.003		
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG
		ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG
		CACCTACAGCCTCAGCACCCTGACG
		CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC
		CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
		ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
		GTGGATGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAC
		ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		TATGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACACG
		GCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
		TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
		CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG

AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL
SEQ ID NO: 1982	SEQ ID NO: 2139
	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH

		SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST
		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV
		AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 412	SEQ ID NO: 569
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
	ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG	GTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAA
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGGCAGACTGAGATCTGACGACACG

			AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG
			CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT
			GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC
			GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
			CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
			TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT
			GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC
			CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG
			CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG
			CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
			TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG
			CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG
			CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC
			AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC
			AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG
			CTTCAACAGGGGAGAGTGT
			GCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
			TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
			AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
			AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
			CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
			TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
			GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAG
			GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
			GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
			GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG

		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1983	SEQ ID NO: 2140
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	WVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKFQDRVT
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCAREATIFGM
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN

		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:359712		
11C1.005		
	SEQ ID NO: 413	SEQ ID NO: 570
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
	ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG	GTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAA
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGGG	ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTTCTGTACGAGAGAGGCCACGATTTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
	GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
	CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG

CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
			ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
			CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
			GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
			GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
			GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
			CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
			GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
			CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
			CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
			ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
			TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
			CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
			TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG

		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACCGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1984	SEQ ID NO: 2141
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL SSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH WVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKFQDRVT MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCTREATIFGM LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 414	SEQ ID NO: 571

iPS:361293	11C1.006		
		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
		ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAC
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
		ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACACG
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTTCTGTACGAGAGAGGCCACGATTTT
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
	NA	GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
		CACCTACAGCCTCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
		CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG

AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGAGAGTGT	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SEQ ID NO: 1985	SEQ ID NO: 2142

		SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST
		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV
		AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 415	SEQ ID NO: 572
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGT
	ACTTAGCTTGGTACCAACAGAAACCAGG	GTGGATGGGGGTGGATCAGCCCTAACAGTGGTGAA
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	ACAAGCTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACACG

AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTTCTGTACGAGAGGCCACGATTTT	
CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC	
GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC	
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC	
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC	
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC	
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC	
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG	
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT	
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA	
TGTCACAGAGCAGGACAAGGACAG	CGTGAATCACACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC	
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAAACTC	
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG	
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC	
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAG	
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGGCCACGAAG	
	ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG	
	CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT	
	GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA	
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT	
	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG	

		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1986	SEQ ID NO: 2143
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	WVRQAPGQGLVWMGWISPNSGETSYAQKFQDRVT
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYFCTREATIFGM
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN

			GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
			PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
			NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
			CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 416	SEQ ID NO: 573

iPS:361301	11C1.008		
		NA	CAGGTGCCGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAG
		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		GTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	GCTACTATATACACTGGGTGCGTCAGGCCC
		TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA	CTGGACAAGGGCTTGTGTGGATGGGGTGGA
		ACAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACCTGCTCA	TCAGCCCTAACAGTGGTGACACAAGCTATG
		TTTACTGGACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCC	CACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCACCATGA
		CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTATA
		GATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTGCAGGCT	TGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACA
		GAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTCAGCAATAT	CGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCA
		TATCGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGAC	CGATTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGA
		CAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGCAC	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		CATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGC	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		AGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCC	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		TGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAA	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		GTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATC	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGG	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		ACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA
		AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTC	

GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC	AACAGGGGAGAGTGT		
CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG			
AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT			
GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG			
GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA			
ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC			
CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT			
GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA			
CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA			
TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA			
CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT			
CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG			
CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA			
AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT			
CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC			
ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA			
GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC			
CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA			
CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA			
GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC			
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC			

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1987	SEQ ID NO: 2144
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG
	KNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTSTRDSGVPDRF	YYIHWVRQAPGQGLVWMGWISPNSGDTSYA
	SGSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYYCQQYYRTP	QKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTA
	WTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT	VYFCAREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSSA
	ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQE	STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF
	SVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACE	PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL
	VTHQGLSSPVTKSFNRGEC	SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
		VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP
		KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK
		GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
		FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN
		HYTQKSLSLSPGK

jPS:359703		SEQ ID NO: 417	SEQ ID NO: 574
11C1.009			
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA	GCTACTATATACACTGGGTGCGTCAGGCCC
		ACAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAACTGCTCA	CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCC	TCAGCCCTAACAGTGGTGAAACAAGCTATG
		CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA	CACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCACCATGA
		GATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTGCAGGCT	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTATA
		GAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTCAGCAATAT	TGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGACGACA
		TATCGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGAC	CGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCA
		CAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGCAC	CGATTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGA
		CATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGC	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		AGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCC	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		TGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAA	CTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		GTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATC	TCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		GGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGG	GTCAAGGACTACTTCCCCCGAACCGGTGACG
		ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAA	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		ACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTC	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

AACAGGGGAGAGTGT			GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC
			CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
			AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT
			GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
			GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA
			ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
			CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
			GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA
			TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA
			CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT
			CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG
			CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA
			AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
			CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC
			ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
			GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC
			CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
			CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
			GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
			CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1988	SEQ ID NO: 2145
	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG
	KNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWTSTRESGVPDRF	YYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNSGETSYA
	SGSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYYCQQYYRTP	QKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTA
	WTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT	VYFCAREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSSA
	ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQE	STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF
	SVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACE	PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL
	VTHQGLSSPVTKSFNRGEC	SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
AA		VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP
		KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK
		GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
		FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN
		HYTQKSLSLSPGK

iPS:361305		SEQ ID NO: 418	SEQ ID NO: 575
11C1.010			
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTACAGTCTGGGGCTGAG
		GTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACTTAGCTTGGTACCA	GCTACTATATACACTGGGTGCGTCAGGCCC
		ACAGAAACCAGGACAGCCTCCTAACCTGCTCA	CTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCC	TCAGCCCTAACAGTGGTGAAACAAGCTATG
		CTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA	CACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCACCATGA
		GATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTGCAGGCT	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTATA
		GAAGATGTGGCTGTTTATTACTGTCAGCAATAT	TGGAGCTGAGCAGACTGAGATCTGACGACA
		TATCGGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGGAC	CGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAGAGGCCA
		CAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGCAC	CGATTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGA
		CATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGC	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		AGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCC	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		TGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCAAA	CTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		GTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATC	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		GGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGGCAGG	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		ACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAA	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		ACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	CCTCAGGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTC	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC				
CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTC				
AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT				
GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG				
GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA				
ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC				
CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT				
GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA				
CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA				
TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA				
CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT				
CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG				
CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA				
AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT				
CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC				
ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA				
GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC				
CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA				
CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA				
GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC				
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC				

AACAGGGGAGAGTGT

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1989	SEQ ID NO: 2146
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG
	KNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTSTRESGVPDRF	YYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNSGETSYA
	SGSGSGTDFTLTINSLQAEDVAVYYCQQYYRTP	QKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTA
	WTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGT	VYFCAREATIFGMLIVPFDYWGQGTLVTVSSA
	ASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQE	STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF
	SVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACE	PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL
	VTHQGLSSPVTKSFNRGEC	SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK
		VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP
		KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY
		VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL
		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK
		GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
		YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF
		FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN
		HYTQKSLSLSPGK

iPS:361312		SEQ ID NO: 419	SEQ ID NO: 576
13H12.002		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCCGCTCGTGCAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTACCA	GCTACTATATCCACTGGGTGCGACAGGCCC
		GCAGAAACCAGGACATCCTCCTAAGCTGCTCA	CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	TCAACCCTGAAAGTGGTGGCACAGACTATT
		CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCACCATGA
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACA
		CTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	TGGAACTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACA
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGG	CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCA
	NA	ACCAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	CGATTTTTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGA
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTG	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		CCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCA	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		GCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

TCAACAGGGGAGAGTGT	GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC
	CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
	AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT
	GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
	GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA
	ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
	CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
	GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA
	TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA
	CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT
	CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG
	CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA
	AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
	CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC
	ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
	GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC
	CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
	CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1990	SEQ ID NO: 2147
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN KNYIAWYQQKPGHPPKLLIYWASTRESGVPDRF SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYSTPW TFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT HQGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYS QRFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTA VYYCAREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDK KVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPK PKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNW YVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDG SFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH NHYTQKSLSLSPGK

IPS:359744		SEQ ID NO: 420	SEQ ID NO: 577
13H12.003		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTACCA	GCTACTATATCCACTGGGTGCGACAGGCCC
		GCAGAAACCAGGACATCCTCCTAAGCTGCTCA	CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	TCAACCCTGAAAGTGGTGGCACAGACTATT
		CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CACAGAGGTTTCAGGGCAGGTTCACCATGA
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACA
		CTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	TGGAACTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACA
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGG	CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCA
	NA	ACCAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	CGATTTTTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGA
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTG	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		CCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA	TCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCA	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		GCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC	TCAACAGGGGAGAGTGT			
CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG				
AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT				
GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG				
GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA				
ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC				
CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT				
GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA				
CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA				
TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA				
CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT				
CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG				
CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA				
AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT				
CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC				
ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA				
GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC				
CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA				
CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA				
GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC				
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC				

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1991	SEQ ID NO: 2148
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN KNYIAWYQQKPGHPPKLLIYWASTRESGVPDRF SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYSTPW TFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT HQGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYS QRFQGRFTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAV YYCAREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSSA STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN HYTQKSLSLSPGK

iPS:361319		SEQ ID NO: 421	SEQ ID NO: 578
13H12.004			
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCTG	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTACCA	GCTACTATATCCACTGGGTGCGACAGGCCC
		GCAGAAACCAGGACATCCTCCTAAGCTGCTCA	CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	TCAACCCTGACAGTGGTGGCACAGACTATT
		CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCACCATGA
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACA
		CTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	TGGAACTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACA
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGG	CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCA
		ACCAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	CGATTTTTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGA
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTG	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		CCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCA	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		GCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

TCAACAGGGGAGAGTGT	GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC
	CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
	AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT
	GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
	GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA
	ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
	CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
	GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA
	TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA
	CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT
	CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG
	CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA
	AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
	CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC
	ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
	GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC
	CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
	CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC

	TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
	TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
	GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
	ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
	AAA
SEQ ID NO: 1992	SEQ ID NO: 2149
AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG
DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN	YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPDSGGTDYS
KNYIAWYQQKPGHPPKLLIYWASTRESGVPDRF	QRFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTA
SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYSTPW	VYYCAREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS
TFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS	ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY
VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV	FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS
TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT	LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDK
HQGLSSPVTKSFNRGEC	KVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPK
	PKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNW
	YVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
	LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKA
	KGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK
	GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDG
	SFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH
	NHYTQKSLSLSPGK

IPS:359737		SEQ ID NO: 422	SEQ ID NO: 579
13H12.005		GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTACCA	GCTACTATATCCACTGGGTGCGACAGGCCC
		GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCA	CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	TCAACCCTGAAAGTGGTGGCACAGACTATT
		CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGGTCTGGGAC	CACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCACCATGA
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACA
		CTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTCAACAAT	TGGAACTGAGCAGCCTGAGATCTGACGACA
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGG	CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCA
	NA	ACCAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	CGATTTTTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGA
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTG	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		CCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCA	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		GCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

TCAACAGGGGAGAGTGT			GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC
			CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG
			AGCCCAAATCTTGTGACAAAAACTCACACAT
			GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
			GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA
			ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC
			CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT
			GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA
			TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA
			CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT
			CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG
			CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA
			AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT
			CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC
			ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
			GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC
			CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA
			CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA
			GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
			CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1993	SEQ ID NO: 2150
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN KNYIAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRF SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYSTPW TFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT HQGLSSPVTKSFNRGEC	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYS QRFQGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAV YYCAREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSSA STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYF PEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSL SSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKK VEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY VDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAK GQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSF FLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHN HYTQKSLSLSPGK

iPS:361326		SEQ ID NO: 423	SEQ ID NO: 580
13H12.006	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAG
		GGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCA	GTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTC
		ACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATCCAGC	TCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCG
		TCCAACAATAAGAACTACATAGCTTGGTACCA	GCTACTATATCCACTGGGTGCGACAGGCCC
		GCAGAAACCAGGACAACCTCCTAAGCTGCTCA	CTGGACAAGGACTTGAGTGGATGGGGTGGA
		TTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTC	TCAACCCTGAAAGTGGTGGCACAGACTATT
		CCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	CACAGAGGTTTCAGGGCAGGGTCACCATGA
		AGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGG	CCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACA
		CTGAAGATGTGGCAGTTTTTTACTGTTCAACAAT	TGGAACTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACA
		ATTATAGTACTCCGTGGACGTTCGGCCAAGGG	CGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCA
		ACCAAGGTGGAAATCAAACGAACGGTGGCTGC	CGATTTTTGGAATGGTTATTGTACCGTTTGA
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGA	CTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGT
		GCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTG	CTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGT
		CCTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGGCCA	CTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACC
		AAGTACAGTGGAAGGTGGATAACGCCCTCCAA	TCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTG
		TCGGGTAACTCCCAGGAGAGTGTCACAGAGCA	GTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
		GGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCA	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGC
		GCACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAG	GGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGT
		AAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCA	CCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGT
		TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCT	GACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCA

TCAACAGGGGAGAGTGT	GACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCC	
	CAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTG	
	AGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACAT	
	GCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG	
	GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAA	
	ACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGAC	
	CCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGT	
	GAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA	
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAA	
	TGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA	
	CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCT	
	CACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGG	
	CAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAA	
	AGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCAT	
	CTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACC	
	ACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA	
	GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGAC	
	CTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGA	
	CATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCA	
	GCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC	
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTC	

		TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCC
		GTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTAC
		ACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGT
		AAA
	SEQ ID NO: 1994	SEQ ID NO: 2151
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN KNYIAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRF SGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVFYCQQYYSTPW TFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTAS VVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESV TEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT HQGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTG YYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPESGGTDYS QRFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTA VYYCAREATIFGMVIVPFDYWGQGTLVTVSS ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYS LSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDK KVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPK PKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNW YVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKA KGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVK GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDG SFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALH NHYTQKSLSLSPGK

SEQ ID NO: 581

SEQ ID NO: 424

		iPS:361330	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
			AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
			AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
			CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
			CGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
			GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAG
			GTGAAACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
			GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG
			AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
			GTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGA
			TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
			TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
			TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
			GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
			AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG
			GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
			ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
			GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
			CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
			GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
			CCCTGTCTGTGTCTCTGGGGCGAGAGGGC
			CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
			GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
			ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG
			ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG
			ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG
			ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
			AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG
			CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT
			GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC
			GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
			CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC
			TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT
			GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC
			CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG
			CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG
			CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG
			TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG
			CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG

CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
		CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC
		CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
		GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
		AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
		CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
		TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
		CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
		GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
		TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC
		GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA
		CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
		CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
		CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
		AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC
		AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
		GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC

		AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC
		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1995	SEQ ID NO: 2152
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGE TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL RSDDTAVYYCAREATIFGMLIVPFDYWGQ GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ

			PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
			FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
			DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
			HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 425		SEQ ID NO: 582
iPS:361337	NA		CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
			AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
			AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
			CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
			CGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
			GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAG
			GTGACACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
			GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
			GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG
			AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
			GTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGA
			TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
12H11.003			

CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC			TACTGGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
TTCATCTTGCCGCCATCTGATGAGCAGTT			TCTCCTCAGACTCTCCACCAAGGGCCCATC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC			GGTCTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			AGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
			CAAATCTTGTGACAAAAACTCACACATGC
			CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
			GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
			AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
			CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
			TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
			CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
			GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
			TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC

		GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA
		CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
		CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
		CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
		AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC
		AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
		GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
		AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC
		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1996	SEQ ID NO: 2153
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGD
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYYCAREATIFGMLIVPFDYWGQ

		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 426	SEQ ID NO: 583
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
NA	ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	CGTCAGGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAG
	ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG	GTGAAACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC

	AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG	
	CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC	
	GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	GTGTATTACTGTACGAGAGAGGCCACGA	
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC	
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG	
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC	
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG	
	CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG	
	CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA	
	CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC	
	TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC	
	CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA	
	CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC	
	AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA	
	AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA	
	CTTCAACAGGGGAGAGTGT	CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC	
		CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC	
		CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG	
		GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC	
		AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC	
		CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG	

TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT	
CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG	
GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG	
TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC	
GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA	
CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA	
CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC	
CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA	
AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC	
AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA	
GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT	
GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC	
AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC	
AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG	
ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG	
GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC	
GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG	
AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG	
AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA	
GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA	
SEQ ID NO: 2154	SEQ ID NO: 1997

iPS:361351	12H11.005	
AA	NA	
DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	SEQ ID NO: 427	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGE
RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	RSDDTAVYYCTREATIFGMLIVPFDYWGQ
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK		AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH		HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
QGLSSPVTKSFNRGEC		YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK

ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	CGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT	
ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACAATG	
ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG	GTGAAACAAACTATGCACAGAAGTTTCA	
ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC	
AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG	
CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC	
GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	GTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGA	
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC	
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG	
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC	
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG	
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	AGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGG	
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA	
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC	
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC	
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA	
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC	
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA	
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA	
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC	
	CAAATCTTGTGACAAAAACTCACACATGC	

CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG

GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC

AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC

CGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG

TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT

CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG

GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG

TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC

GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA

CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA

CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC

CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA

AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC

AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA

GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT

GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC

AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC

AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG

ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG

GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC

GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG

		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1998	SEQ ID NO: 2155
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL SSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGE TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL RSDDTAVYYCAREATIFGMLIVPFDYWGQ GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 428	SEQ ID NO: 585

			iPS:361358
			12H11.006
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
		ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	CGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACAATG
		ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG	GTGACACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	GTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGA
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	AGCACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
		CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
		CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAAGAC	CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC

AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT		TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC

		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 1999	SEQ ID NO: 2156
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGD TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL RSDDTAVYYCAREATIFGMLIVPFDYWGQ GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG

		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 429	SEQ ID NO: 586
iPS:361365	NA	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
12H11.007		AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		CTTCACCGGCTACTATATACACTGGGTG
		CGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
		GGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAG
		GTGACACAAACTATGCACAGAAGTTTCA
		GGACAGGGTCACCATGACCAGGGACAC
		GTCCATCAGCACAGCCTATATGGAGCTG
		AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
		GTGTATTACTGTACGAGAGAGGCCACGA
		TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
		TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
		GGTCTTCCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
		AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG
		GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA

CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
		CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC
		CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
		GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
		AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
		CGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
		TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
		CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
		GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
		TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC
		GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA
		CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
		CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
		CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
		AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC

		AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
		GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
		AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC
		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2000	SEQ ID NO: 2157
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGD
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYYCTREATIFGMLIVPFDYWGQ
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
	QGLSSPVTKSFNRGEC	YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP

		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:361372	SEQ ID NO: 430	SEQ ID NO: 587
12H11.008	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG
		ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGTCCCTG
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC

TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAAACAC		CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
		CAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGC
		CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
		GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
		AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
		CGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
		TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT
		CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
		GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
		TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC
		GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA

		CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
		CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
		CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
		AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC
		AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
		GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
		GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
		AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC
		AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
		ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
		GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
		GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
		AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
		AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
		GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2001	SEQ ID NO: 2158
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNNGE
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	RSDDTAVYYCTREATIFGMLIVPFDYWGQ
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT

		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC

CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT			AGCAGGCTGAGATCTGACGACACGGCC
GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC			GTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGA
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT			TTTTTGGAATGCTTATTGTACCATTTGAC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC			TACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCG
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT			TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC			GGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAG
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG			AGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG			GCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGA
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG			ACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAGGC
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG			GCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG			CGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTA
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC			CTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCC
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC			TCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACA
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG			TCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAA
CTTCAACAGGGGAGAGTGT			CACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCC
			CAAATCTTGTGACAAAAACTCACACATGC
			CCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGG
			GGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCC
			AAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCC
			CGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGG
			TGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGT

	CAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTG
	GAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCG
	TGTGAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACC
	GTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCA
	CCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA
	CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTC
	CCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCA
	AAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAC
	AGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGA
	GGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCT
	GACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC
	AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGC
	AATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAG
	ACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACG
	GCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACC
	GTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGG
	AACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATG
	AGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAA
	GAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2159
AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF
	SEQ ID NO: 2002
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL

SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST		TGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWISPNQGE
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV		TNYAQKFQDRVTMTRDTSISTAYMELSRL
AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA		RSDDTAVYYCAREATIFGMLIVPFDYWGQ
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP		GTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGT
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK		AALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGV
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH		HTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT
QGLSSPVTKSFNRGEC		YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTC
		PPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTP
		EVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVH
		NAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDW
		LNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ
		PREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKG
		FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDS
		DGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
		HEALHNHYTQKSLSLSPGK
SEQ ID NO: 432		SEQ ID NO: 589

jPS:361383			
12H11.010			
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATAAGCCCTAACAATGGTGAC
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
		ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
		ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACACG
		AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGAATTTT
		CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
		GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
		GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
		CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
		TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
		CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
		CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
		CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
		TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
		CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC

CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG CTTCAACAGGGGAGAGTGT	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 2003	SEQ ID NO: 2160

iPS:361387		DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL
		SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST
		RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV
		AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
12H11.011	AA	SEQ ID NO: 433
	NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
		CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC
		CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT
		GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT
		ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG
		ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG
		ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG
	AA	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
		WVRQAPGQGLEWMGWISPNNGDTNYAQKFQDRVT
		MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
		LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
		GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
		AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
		TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 590
		CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
		ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		GTGGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAGGTGAC
		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA

ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC		TATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACACG
AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT		TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CGTGAATCACACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTCACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
		ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
		CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
		GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT

	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
	CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
	GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
	CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
	ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
	CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
	TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
	CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
	GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
	TCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 2004	SEQ ID NO: 2161
DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST	WVRQAPGQGLEWMGWISPNQGDTNYAQKFQDRVT
RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAREATIFGM
AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD

		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE
		NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
		CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 434	SEQ ID NO: 591
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCCGCTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATAAGCCCTAACAATGGTGAA
	ACAGCCTCCTAACCTGCTCATTTACTGG	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
NA	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
	GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC

CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG	
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT	
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA	
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC	
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC	
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG	
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC	
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG	
CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG	
	ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG	
	CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT	
	GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA	
	GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT	
	GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG	
	CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA	
	GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA	
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA	
	CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT	
	ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA	
	TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT	
	CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA	

		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2005	SEQ ID NO: 2162
AA	DIVMTQSPDSLSVSLGERATINCKSSQSVL SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPNLLIYWTST RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH QGLSSPVTKSFNRGEC	QVPLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH WVRQAPGQGLEWMGWISPNNGETNYAQKFQDRVT MTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAREATIFGM LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 435	SEQ ID NO: 592
NA	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
1.013		
12H1		
61395		
IFS:3		

	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAGGTGAA
	ACAGCCTCCTAAACTGCTCATTTACTGG	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGATTCCGGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC
	GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC	AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
	GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT	AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
	CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC	CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
	TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT	TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
	CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG	GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
	CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG	ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
	CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG	CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
	TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG	CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
	CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG	AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
	CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC	ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
	AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC	GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
	AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG	CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAG

	CTTCAACAGGGGAGAGTGT	GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
		ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
		CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
		GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
		GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2006	SEQ ID NO: 2163
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWTST	WVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKFQDRVT
	RDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCAREATIFGM

		AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA
		APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP
		REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK
		DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH
		QGLSSPVTKSFNRGEC
	SEQ ID NO: 436	SEQ ID NO: 593
	NA	
	GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGT	GGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
	GTTTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACT	ACTGGGTGCGTCAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	ACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGG	GTGGATGGGGGTGGATAAGCCCTAACCAAGGTGAA
	ACAGCCTCCTAAACTGCTCATTTACTGG	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGACAGGGTCA
	ACTTCTACCCGAGAATCCGGGGTCCCTG	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTA
	ACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGAC	TATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGACGACACG
	AGATTTCACTCTCACCATCAACAGCCTG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGCCACGATTTT
	CAGGCTGAAGATGTGGCTGTTATTACT	TGGAATGCTTATTGTACCATTTGACTACTGGGGCC

GTCAGCAATATTATCGTACTCCGTGGAC		AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACC
GTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGAAAT		AAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC
CAAACGAACGGTGGCTGCACCATCTGTC		CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGC
TTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTT		TGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
GAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGC
CTGCTGAATAACTTCTATCCCAGAGAGG		GTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGG
CCAAAGTACAGTGGAAGGTGGATAACG		ACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCT
CCCTCCAATCGGGTAACTCCCAGGAGAG		CCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA
TGTCACAGAGCAGGACAGCAAGGACAG		CGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC
CACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACG		AAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTC
CTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAC		ACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTG
AAAGTCTACGCCTGCGAAGTCACCCATC		GGGGGACCGTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACC
AGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAG		CAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAG
CTTCAACAGGGGAGAGTGT		GTCACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG
		ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGG
		CGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGT
		GAGGAGCAGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCA
		GCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAAT
		GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAG
		CCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAA
		GCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA

		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAA
		CCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCT
		ATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAA
		TGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCT
		CCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTA
		TAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAG
		CAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGA
		GGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTC
		TCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2007	SEQ ID NO: 2164
AA	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVL	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIH
	SSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWTST	WVRQAPGQGLEWMGWISPNQGETNYAQKFQDRVT
	RESGVPDRFSGSGSGTDFTLTINSLQAEDV	MTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCAREATIFGM
	AVYYCQQYYRTPWTFGQGTKVEIKRTVA	LIVPFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTS
	APSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYP	GGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP
	REAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSK	AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSN
	DSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH	TKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
	QGLSSPVTKSFNRGEC	KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVD
		GVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
		PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPE

			NNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFS
			CSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:361406		SEQ ID NO: 437	SEQ ID NO: 594
2C2.005.001	NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATCGGAAGTCAAACTGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
		CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
		TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
		CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC	CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
		CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG
		GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG	TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
		AAAGCCTGAGTGGTCCGGTATTCGGCGG	ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
		AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
		CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
		TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
		CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
		AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
		TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
		CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC

CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA		TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
		ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA

		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2008	SEQ ID NO: 2165
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS QTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDESLSGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV WGTYRPHYYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 438	SEQ ID NO: 595
NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC ATCGGAAGTCAAACTGTAAACTGGTACC AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA GTGGATGGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC

CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC			ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT			CCATGACCAGGGACACCGTCCATCAGTACAGCCTA
CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC			CATGGAGCTGAGGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG			GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG
GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG			TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
AAAGCCTGCAAGGTCCGGTATTCGGCGG			ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG			TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT			CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC			CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA			TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG			GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT			GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC			CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			TCTTGTGACAAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA			TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC

	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
	CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
	CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
	AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
	GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
	GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
	AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
	CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
	TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
	ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
	GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
	CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
	CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2166
AA	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
	WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
	PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	SEQ ID NO: 2009
	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS
	QTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP
	DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA
	TFDESLQGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV
	TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT
	VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA

		ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV
		EKTVAPTECS
		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
		KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
		LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
		WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 439	SEQ ID NO: 596
	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
		CATGGAGCTGAGGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG
		TTTGGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG

TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	CACAGCGGCCCTGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC	
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG	
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT	
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG	
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC	
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG	
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA	
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC	
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC	
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	TCTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC	
GAATGTTCA	TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG	
	ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA	
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC	
	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA	
	CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC	
	CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA	
	AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA	
	GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA	
	GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG	
	AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG	
	CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG	

		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2010	SEQ ID NO: 2167
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS NYVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDESLSGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 440	SEQ ID NO: 597

			iPS:361424
			2C2.005.004
CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA	
CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA	
CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC		GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC	
ATCGGAAGTAATTATGTAAACTGGTACC		ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA	
AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT		GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC	
CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA	
TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA	
CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG	
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG	
GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG		TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT	
AAAGCCTGCAAGGTCCGGTATTCGGCGG		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG	
AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC	
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG	
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC	
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG	
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT	
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG	
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC	
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG	
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA	

GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA GAATGTTCA	TCTTGTGACAAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 2011	SEQ ID NO: 2168

iPS:361430		QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
2C2.005.005		HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
AA		TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
		WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
		PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
		LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
		KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
		LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
		WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 441	SEQ ID NO: 598
NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
	ATCGGAAGTCAAACTGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
	CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
	TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA

	CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
	CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG
	GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG		TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
	ACAGCCTGAATGGTCCGGTATTCGGCGG		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
	AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
	CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
	TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
	CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
	AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
	TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
	CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
	CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG
	GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
	GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
	AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
	ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TCTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
	GAATGTTCA		TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
			AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
			CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC

		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2012	SEQ ID NO: 2169
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
	QTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
	DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
	TFDDSLNGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV	WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
	TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT	PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
	VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
	EKTVAPTECS	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV

		KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
		LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
		WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 442	SEQ ID NO: 599
	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG
		TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG

AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG			GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT			GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC			CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA			TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
			AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
			CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
			CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
			AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
			GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
			GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
			AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
			CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
			TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
			ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC

		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2013	SEQ ID NO: 2170
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS NYVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDDSLNGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 443	SEQ ID NO: 600
NA	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGGCTGAGGTGA AGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
05.00		
61442		
IPS:3		

CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC				
ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA				
AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC				
CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA				
TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA				
CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC	CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG				
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG				
GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG	TTTGGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT				
AAAGCCTGAATGGTCCGGTATTCGGCGG	ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG				
AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC				
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG				
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC				
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG				
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT				
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG				
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACACCACC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC				
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG				
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA				
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC				
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC				
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC				

	GAATGTTCA	TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
		ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2014	SEQ ID NO: 2171
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
	NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
	DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV

TFDESLNGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV		WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT		PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA		LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
EKTVAPTECS		GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
		KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
		LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
		EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
		WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
		WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 444	SEQ ID NO: 601
	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
	CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
	CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
	ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
	AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
NA	CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
	TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
	CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC	CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
	CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG
	GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG	TTTGGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACGGT

		ACAGCCTGCAAGGTCCGGTATTCGGCGG	ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
		AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
		CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
		TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
		CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
		AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
		TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
		CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
		CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG
		GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
		GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
		AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
		ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
		GAATGTTCA	TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
			AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
			CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
			CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
			AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
			GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA

			GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
			AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
			CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
			TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
			ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
			GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
			CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
			TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
			CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 2015	SEQ ID NO: 2172
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDDSLQGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV WGTYRPHYYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE

			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
			WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 445	SEQ ID NO: 602
iPS:361454	2C2.005.009	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
			AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
			GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
			ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
			GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
			ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
			CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
			CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
			GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG
			TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACGGT
			ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
			TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
			CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
			CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
			TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
			GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
			GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
			CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC

CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA			TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
			ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
			CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
			AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
			CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
			CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
			AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
			GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
			GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
			AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
			CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
			TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
			ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
			GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
			CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
			TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA

iPS:361460			CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
2C2.005.010	AA	SEQ ID NO: 2016	SEQ ID NO: 2173
		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
		NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
		DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
		TFDDSLSGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV	WGTYRPHYYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
		TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT	PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
		VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		EKTVAPTECS	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
			KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
			LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
			WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 446	SEQ ID NO: 603
		CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC

CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTACG
GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATG		TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
ACAGCCTGAATGCTCCGGTATTCGGCGG		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA		TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
		ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC

		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2017	SEQ ID NO: 2174
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
	NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
	DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
	TFDDSLNAPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV	WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
	TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT	PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
	VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC

ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	SEQ ID NO: 447	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	NA	SEQ ID NO: 604
		CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATA GCAGCCTGAATGGTCCGGTATTCGGCGG AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT
		CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG

TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA		TCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
		ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG

		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2018	SEQ ID NO: 2175
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSNIGS NTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDSSLNGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 448	SEQ ID NO: 605

IPS:361472			
2C2.005.012			
	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA	
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA	
		GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC	
		ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA	
		GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC	
		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA	
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA	
		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG	
		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG	
		TTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT	
		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG	
		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC	
		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG	
		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC	
		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG	
		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT	
		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG	
		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC	
		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG	
		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA	
		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC	

AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA GAATGTTCA		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACAGCCTCATGATC TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2019	SEQ ID NO: 2176
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM

		NYVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
		DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
		TFDSSLNAPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV	WGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVF
		TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT	PLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGA
		VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA	LTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		EKTVAPTECS	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
			KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
			LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
			WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 449	SEQ ID NO: 606
iPS:361478	2C2.005.013	CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC	AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC	GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATCGGAAGTAATTATGTAAACTGGTACC	ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		AGCACCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT	GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
		CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC	ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
		TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT	CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
		CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC	CATGGAGCTGAGCAGCCTGAGGTCTGACGACACG

CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG	GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG	
GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATA	TTTTCGGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT	
GCAGCCTGAATGCTCCGGTATTCGGCGG	ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG	
AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG	TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC	
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG	
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC	
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG	
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT	
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG	
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC	
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACACAAGCCCAG	
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA	
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC	
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC	
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	TCTTCCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC	
GAATGTTCA	TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG	
	ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA	
	CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC	
	AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA	
	CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC	
	CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA	

		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA
		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
		CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2020	SEQ ID NO: 2177
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS NYVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDSSLNAPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV EKTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV TMTRDTSISTAYMELSSLRSDDTAVYYCARGGDYVF GTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALT SGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICN VNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGG PSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVL

		HQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEW
		ESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRW
		QQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:361485		SEQ ID NO: 607
2C2.005.014	NA	CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGA
		AGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAA
		GGCTTCCGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGC
		ATTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGA
		GTGGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGGTGGC
		ACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCA
		CCATGACCAGGGACACGTCCATCAGTACAGCCTA
		CATGGAGCTGAGCAGGCTGAGGTCTGACGACACG
		GCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGGATTACG
		TTTTCGGGACTTATCGGCCTCACTACTACTACGGT
		ATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG
		TCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTC
		CCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
		CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTAC
		TTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCGTGGAACTCAG
		GCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCT

TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GTCCTACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAG
CAAGGCGGGAGTGGCAGACCACCACACC		CGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCC
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		AGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAG
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		CAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAA
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		TCTTGTGACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTCTTCC
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATC
GAATGTTCA		TCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGG
		ACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAA
		CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCC
		AAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTACGGCAGCA
		CGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCAC
		CAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCA
		AGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGA
		GAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
		GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGG
		AGGAGATGACCAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTG
		CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCG
		TGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACA
		ACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGAC
		GGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGA

IPS:36184			
5			
18F2.013			
	NA		CAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
			TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTA
			CACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 2021	SEQ ID NO: 2178
	AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYM
		QTVNWYQHLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP	HWVRQAPGQGLEWMGWINPNSGGTNYAQKFQGRV
		DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA	TMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGGDYV
		TFDESLSGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSV	FGTYRPHYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFP
		TLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVT	LAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGAL
		VAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYA	TSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		ASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTV	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLG
		EKTVAPTECS	GPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEV
			KFNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTV
			LHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
			EPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVE
			WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSR
			WQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 451	SEQ ID NO: 608
	NA	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG
		CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
		CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	GCGTCTGGATTCACTTTCAGTAACTTTGGCATGCA

CTTAGAAATTATTTAGGCTGGTATCAAC				CTGGGTCCGCCAGGCCCCAGGCAAGGGGCTGGAG
AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC				TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAATG
TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG				AAAACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGATTCAC
TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT				CATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATC
GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA				TGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGC
TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC				TGTGTATTACTGTGCGAGAGATAGGACGATCTTTG
AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT				GAGTGGTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAAC
TACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCA				CCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCC
AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC				CATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG				ACCTCTGGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC				TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCG
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC				TGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG				CCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTAC
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC				TCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG				CTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC				ACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG				TGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT				CACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC				GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT				CCCTCATGATCTCCCGGACCCCCTGAGGTCACATGC
				GTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGG

		TCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGT
		GCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAG
		TACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCAC
		CGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAG
		TACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAG
		CCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGG
		GCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCC
		CCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA
		GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGC
		GACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
		GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGC
		TCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAA
		CGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGC
		ACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
		CCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2022	SEQ ID NO: 2179
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDLR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNFGMH
	NYLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVP	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNENYADAVKGRFT
	SRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQ	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGV
	HNNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPP	VLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSG

		SDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW
		KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
		TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVT
		KSFNRGEC
	SEQ ID NO: 452	SEQ ID NO: 609
	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGG
	CCCTGTCTGCATCTATAGGAGACAGAGT	TCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA
	CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGAC	GCGTCTGGATTCACCTTCAGTTACTTTGGCATGCA
	ATTAGAGATTATTTAGGCTGGTATCAGC	CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAG
	AGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCC	TGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGTAATA
NA	TGATCTATGGTGCATCCAGTTTGCAAAG	AATACTATGCAGACGCCGTGAAGGGCCGCTTCAC
	TGGGGTCCCTTCAAGGTTCAGCGGCAGT	CATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATC
	GGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACAA	TGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGC
	TCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTCGC	TGTGTATTACTGTGCGCGAGATAGGACGATTTTTG
	AACTTATTACTGTCTACAGCATAATAAT	GAGTGGCTCTTGGGGGACTACTGGGGCCAGGGAAC
	TACCCCTTCACTTTCGGCCAAGGGACCA	CCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGCC

AAGTGGATATCAAACGAACGGTGGCTGC			CATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTCCAAGAGC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG			ACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC			TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCG
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC			TGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACA
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			CCTTCCCCGGCTGTCCTACAGTCCTCAGGACTCTAC
TGGATAACGCCCCTCCAATCGGGTAACTC			TCCCTCAGCAGCCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAG
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			CTTGGGCACCCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			ACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGT
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			TGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACTCACACATGCC
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			CCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGC
			GTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGG
			TCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGT
			GCATAATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAG
			TACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTCCTCAC
			CGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAG
			TACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAG
			CCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGG
			GCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCC
			CCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTCA

		GCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGC
		GACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCT
		GGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGC
		TCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAA
		CGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGC
		ACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
		CCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2023	SEQ ID NO: 2180
AA	DIQMTQSPSSLSASIGDRVTITCRASQDIRD	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSYFGMH
	YLGWYQQKPGKAPKRLIYGASSLQSGVPS	WVRQAPGKGLEWVAVIWYDASNKYYADAVKGRFT
	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQH	ISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRTIFGV
	NNYPFTFGQGTKVDIKRTVAAPSVFIFPPS	LLGDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	VLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPK
	SFNRGEC	PKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDG
		VEVHNAKTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLNG
		KEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPP
		SREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSC

		SVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 453	SEQ ID NO: 610

			CAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTG
			AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
			AGGTCTCCTGCAAGGCTTCCGGATACAC
			CTTCACCGGCTACTATATGCATTGGGTG
			CGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
			GGATGGGATGGATCAACCCTAACAGTGG
			TGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAG
			GGCAGGGTCACCATGACCAGGGACACG
			TCCATCAGTACAGCCTACATGGAGCTGA
			GCAGGCTGAGGTCTGACGACACGGCCGT
			GTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGATTAC
			GTTTGGGGGACTTATCGGCCTCACTACT
			ACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGG
			GACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCC
			ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGG
			CACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG
			CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAG
			GACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGT
			CGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGG
			CGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAG
			CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAG
			CGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCAC
			CATCTCTTGTTCTGGAAGTAGCTCCAAC
			ATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC
			AGCAACTCCCAGGAACGGCCCCCAAACT
			CCTCATCTATACTAATAATCAGCGGCCC
			TCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCT
			CCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTTGC
			CATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAG
			GCTGATTATTTCTGTGCAACATTCGATA
			GCAGCCTGAGTGGTCCGGTATTCGGCGG
			AGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTCAG
			CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT
			TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC
			CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA
			AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG
			TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT
			CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC
			CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC
			GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT

GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	TCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCG	
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	TGCTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGG	
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	CACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAAT	
GAATGTTCA	CACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGAC	
	AAGAAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACA	
	AAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGC	
	ACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCAGTC	
	TTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACA	
	CCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGT	
	CACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAC	
	GAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGT	
	ACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGC	
	CAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGCAGTA	
	CGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAGCGTC	
	CTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGA	
	ATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTC	
	CAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAG	
	AAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAG	
	CCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGC	
	CCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGA	
	ACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAA	

		AGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG
		GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAG
		AACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGC
		TGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTAT
		AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGG
		TGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCT
		CCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCA
		CTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
		CCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2024	SEQ ID NO: 2181
AA	QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGS NTVNWYQQLPGTAPKLLIYTNNQRPSGVP DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYFCA TFDSSLSGPVFGGGTKLTVLGQPKAAPSVT LFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTV AWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAA SSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVE KTVAPTECS	QMQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS GGTNYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS RLRSDDTAVYYCARGGDYVWGTYRPHY YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC

		VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
		PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK
		NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 454	SEQ ID NO: 611
iPS:336067	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
	CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC	ACTCTCCTGTGTACAGCGTCTGGATTCACCT
	ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC	TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
	AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT	CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
	GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
	GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG	AATAAGTTCCATGCAGACTCCGTGAAGG
NA	GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
	CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA	CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC
	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA	AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT
	CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA	ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAGTGGCTGG
	GCTGGAGATCACACGAACGGTGGCTGCA	TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
	CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG
	TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
	GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT

CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA

		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2025	SEQ ID NO: 2182
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCTASGFTF
	FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS	SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSN
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLISFGQGTKLEITRTVAAPSVFIFPPSD	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC

	NRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 455	SEQ ID NO: 612
iPS:33616917B11.002	NA	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG
		TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC
		CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC
		ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATG
		AGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT
		CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC
		TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT
		CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGG
		CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG
		GCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATA
		GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG

AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG	CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC			
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC			
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	AAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGC			
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC			
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG			
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT			
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG			
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA			
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT			
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC			
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT			
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT			
GAATGTTCA	GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT			
	GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT			
	GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC			
	CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC			
	AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG			
	GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG			
	AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG			
	CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC			
	TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA			

	ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
	AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
	CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
	CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
	ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
	GTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 2026	SEQ ID NO: 2183
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN NYVSWYEQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP
	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS

iPS:361127		DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC
		GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS
		VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV
		TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY
		AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST
		VEKTVAPTECS
5G12.006.001		
	SEQ ID NO: 456	SEQ ID NO: 613
NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
	CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
	ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC	TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
	AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT	CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
	GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT

		GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG	AATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAGG
		GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
		CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA	CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC
		ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA	AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT
		CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA	ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAGTGGCTGG
		GCTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC	TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
		CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
		AGAAACACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
		CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
		ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG

GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT

		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2027	SEQ ID NO: 2184
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ SYSTLISFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSD EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 457	SEQ ID NO: 614
NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG GCGTGGTCCAGCCTGGGGAGGGTCCCTGAG

IPS:3
61136
0.900

CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC	ACTCTCCTGTACAGCGTCTGGATTCACCT				
ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC	TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG				
AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT	CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG				
GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT				
GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG	AATAAGTTCCATGCAGACGGCCGTGAAGG				
GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC				
CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA	CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC				
ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA	AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT				
CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA	ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAAGTGGCTGG				
GCTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC	TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC				
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG	CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG				
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC				
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT				
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG				
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC				
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC				
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC				
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG				
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC				
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG				
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT				

GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC

		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2028	SEQ ID NO: 2185
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ SYSTLISFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSD EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF NRGEC	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCTASGFTF SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA

		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 458	SEQ ID NO: 615
IPS:361140	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
5G12.006.003	CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT	GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
	CACTATCACTTGCCGGGGCAAGTCAGACC	ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
	ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC	TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
	AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT	CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
	GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT	GGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT
	GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG	AATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAGG
	GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT	GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
	CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA	CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC
	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA	AGCCTGAGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT
	CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA	ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAGTGGCTGG
	GCTGGAGATCACACGAACGGTGGCTGCA	TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
	CCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGA	CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG
	TGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCT	CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
	GTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATCC	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
	CAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGGT	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
	GGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTCC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
	CAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAGC	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC

NA

AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT		CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC		TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT		TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
		AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
		GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
		AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
		CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
		TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC

		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2029	SEQ ID NO: 2186
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
	FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS	SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLISFGQGTKLEITRTVAAPSVFIFPPSD	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	NRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA

		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:359919	SEQ ID NO: 459	SEQ ID NO: 616
5G12.006.004	NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC
		ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCTGGGAAAGCCCCTAAGCTCCT
		GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG
		GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
		CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA
		ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA
		CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA
		GCTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC

		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC	CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG	GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC	TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG	GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
		CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC	AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG	TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
		AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
		CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
		ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG

		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2030	SEQ ID NO: 2187
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
	FLNWYQQKPGKAPKLLIYVASSLQSGVPS	SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLISFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSD	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT

		LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF
		NRGEC
		SEQ ID NO: 460
iPS:361144	5G12.006.005	NA
		GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC
		ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT
		GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG
		GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
		CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA
		ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA
		FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
		NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 617
		CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
		TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
		CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
		GGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT
		AATAAGTTCCATGCAGACTCCGTGAAGG
		GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
		CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC
		AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT

CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA					ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAGTGGCTGG
GCTCGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC					TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG					CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG
ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC					CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC					CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG					GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC					TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG					GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC					AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG					TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT					CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC					TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT					TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
					GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
					GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
					CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
					AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG
					GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
					AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
					CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
					TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA

	ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
	AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
	GGCAGCCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
	CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
	CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
	CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
	TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
	CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
	TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
	ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
	GTCTCCGGGTAAA
SEQ ID NO: 2031	SEQ ID NO: 2188
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS
	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN

	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLISFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSD	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	NRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 461	SEQ ID NO: 618

iPS:361151		CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
5G12.006.006		GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
		TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
		CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
		GGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
		AATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAGG
		GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
		CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAAC
		AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT
		ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAAGTGGCTGG
		TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
		CAAGGGACAAAGGTCACCGTCTCTTCAG
		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
		CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT
		GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
		TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
		GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
		AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
		TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
	NA	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCATCCT
		CCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
		CACTATCACTTGCCGGGCAAGTCAGACC
		ATTAGCAGGTTTTTAAATTGGTATCAGC
		AGAAACCTGGGAAAGCCCCTGAGCTCCT
		GATCTATGTTGCATCCAGTTTGCAAAGT
		GGGGTCCCATCAAGATTCAGTGGCAGTG
		GTTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCAT
		CAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCA
		ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTA
		CCCTGATCAGTTTTGGCCAGGGGACCAA
		GCTGGAGATCAAACGAACGGTGGCTGC
		ACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTG
		ATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTC
		TGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTATC
		CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG
		TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC
		CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG
		CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC
		ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG

AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT	CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC	
CAGCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC	TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG	
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT	TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT	
	GGACAAGAAAGTTGAGGCCCAAATCTTGT	
	GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC	
	CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC	
	AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG	
	GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG	
	AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG	
	CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC	
	TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA	
	ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC	
	AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG	
	CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG	
	CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG	
	GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA	
	TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG	
	GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA	
	CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC	
	CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG	
	GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG	

		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2032	SEQ ID NO: 2189
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
	FLNWYQQKPGKAPELLIYVASSLQSGVPS	SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSN
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLISFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPSD	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	EQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKV	TKVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	DNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLT	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC
	NRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE

		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:361491		SEQ ID NO: 619
17B11.002.001	NA	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
		CGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGT
		GGATGGGATGGAACCCTAACAGTG
		GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
		GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
		CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
		AGCAGCCTGAGATCTCAGGACACGGCCG
		TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGATTA
		CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC
		TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC
		AAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGC
		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG

			TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT
			CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC
			CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC
			GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT
			GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC
			AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC
			ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA
			GAATGTTCA
			GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
			CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
			GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
			GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
			ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
			AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
			TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
			GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
			GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA

		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2033	SEQ ID NO: 2190
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS
	DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC	GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS
	GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS	SLRSQDTAVYYCARGGDYVWGSYRPYYY
	VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV	YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL
	TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS
	AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST	WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV

	VEKTVAPTECS	TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV
		EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK
		FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC
		VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
		PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK
		NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 463	SEQ ID NO: 620
	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATC	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
	AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGT
NA	CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG
	TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT	GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
	CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGG	GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
	CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG	CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
	GCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATA	AGCAGCCTGAGATCTCAGGACACGGCCG
	GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG	TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGATTA

AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG			CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT			TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC			AAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA			CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG			CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT			GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC			CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
GAATGTTCA			GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA

		ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2034	SEQ ID NO: 2191
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS

iPS:361503		DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC
		GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS
		VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV
		TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY
		AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST
		VEKTVAPTECS
17B11.002.003		
	SEQ ID NO: 464	SEQ ID NO: 621
	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
NA	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATG	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
	AGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGT
	CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG

TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT		GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGG		GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG		CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
GCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATA		AGCAGCCTGAGATCTCAGGACACGGCCG
GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG		TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGATTA
AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG		CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT		TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC		AAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA		CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG		CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT		GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACACCACC		CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC		GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT		GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC		ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC		AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
GAATGTTCA		GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
		GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
		GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
		CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC

AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA

			ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
			GTCTCCGGGTAAA
		SEQ ID NO: 2035	SEQ ID NO: 2192
	AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
		NYVSWYEQFPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS
		DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC	GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS
		GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS	SLRSQDTAVYYCARGGDYVWGSYRPYYY
		VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV	YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL
		TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS
		AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST	WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV
		VEKTVAPTECS	TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV
			EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
			KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK
			FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC
			VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
			PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK
			NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
			NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
			QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
		SEQ ID NO: 465	SEQ ID NO: 622
9	NA	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	0		

TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA	
CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC	
ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATC	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG	
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT	
CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG	
TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT	GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA	
CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGC	GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC	
CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG	CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG	
GCCGATTATTACTGCGGAACATTCGAAA	AGCAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCG	
GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG	TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGTGATTA	
AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG	CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC	
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC	
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	AAGGGACCACACGGTCACCGTCTCCTCAGC	
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC	
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG	
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT	
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG	
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA	
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT	
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC	
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT	

ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA GAATGTTCA		TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC AGTCTTCCTCTTCCCCCAAAACCCAAG GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG AGGTCACATGCGTGGTGGACGTGAG CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC

		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2036	SEQ ID NO: 2193
	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQAPGQGLEWMGWMNPNS
	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYC	GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS
	GTFESSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS	SLRSDDTAVYYCARGGDYVVWGSYRPYYY
	VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV	YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL
	TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS
AA	AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST	WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV
	VEKTVAPTECS	TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV
		EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK
		FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC
		VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
		PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK

		NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:361514	SEQ ID NO: 466	SEQ ID NO: 623
17B11.002.005	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATC	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
	AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGT
	CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG
	TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT	GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
	CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGC	GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
NA	CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG	CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
	GCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATA	AGCAGCCTGAGATCTCAGGACACGGCCG
	GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG	TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGATTA
	AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG	CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC
	CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC
	TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	AAGGGACCACACGGTCACCGTCTCCTCAGC
	CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
	AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
	TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT

CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC			CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
GAATGTTCA			GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
			GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
			TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG

		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2037	SEQ ID NO: 2194
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS
	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYC	GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS
	GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS	SLRSQDTAVYYCARGGDYVWGSYRPYYY
	VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV	YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL
	TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY	APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS
	AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST	WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV
	VEKTVAPTECS	TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV

		EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP
		KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK
		FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC
		VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
		PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK
		NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:360582	SEQ ID NO: 467	SEQ ID NO: 624
17B11.002.006	NA	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
		CGACAGGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
		GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG
		GTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
		GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
		CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
		AGCAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCG
		TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGTGATTA
		CGTTTGGGGGAGTTATCGTCCCTACTAC

CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT			TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCC
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC			AAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGC
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA			CTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCC
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG			CTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTG
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT			GGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGT
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC			CAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACG
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC			GTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCA
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT			GCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCT
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			ACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGC
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			AGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCT
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			TGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGT
GAATGTTCA			GAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC

		AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
		CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
		CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
		GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2038	SEQ ID NO: 2195
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT
	NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP	FTSYDINWVRQAPGQGLEWMGWMNPNS
	DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYC	GNTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS

		GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS
		VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV
		TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY
		AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST
		VEKTVAPTECS
	SEQ ID NO: 468	SEQ ID NO: 625
	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
	TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
	CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
NA	ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATC	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
	AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGT
	CCTCATTTATGACAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGATGAACCCTAACAGTG
	TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT	GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA

CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGG	GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC		
CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG	CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG		
GCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATA	AGCAGCCTGAGATCTCAGGACACGGCCG		
GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG	TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGATTA		
AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG	CGTTTTCGGGAGTTATCGTCCCTACTACT		
CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCA		
TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	AGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCC		
CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCC		
AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	TGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGG		
TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTC		
CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	AAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGG		
CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	TGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAG		
GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTA		
GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC	CAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA		
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC	GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT		
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA	GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTG		
GAATGTTCA	AATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG		
	GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTG		
	ACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC		
	AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA		
	GTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGG		

ACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGA
GGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGC
CACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACT
GGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT

		GTCTCCGGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2039	SEQ ID NO: 2196
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP DRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC GTWDSSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST VEKTVAPTECS	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNS GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS SLRSQDTAVYYCARGGDYVFGSYRPYYY YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 469	SEQ ID NO: 626

iPS:360570			
17B11.002.008			
	NA	CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAG	CAAATGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTG
		TGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCAC	AGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
		CATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAAC	AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACAC
		ATTGGAAATAATTATGTATCCTGGTATC	CTTCACCAGTTATGATATCAACTGGGTG
		AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACT	CGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGT
		CCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCC	GGATGGGATGGAATGAACCCTAACAGTG
		TCAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCT	GTGGCACAGGCTATGCACAGAAGTTCCA
		CCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGC	GGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACAC
		CATCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAG	CTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTG
		GCCGATTATTACTGCGGAACATTCGAAA	AGCAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCG
		GCAGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGG	TGTATTACTGTGCGAGAGGGGGGTGATTA
		AGGGACCAAACTGACCGTCCTAGGTCAG	CGTTTTCGGGAGTTATCGTCCCTACTACT
		CCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGT	ACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCA
		TCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAAGC	AGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCC
		CAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATA	TCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCC
		AGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAG	TGGCACCCTCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGG
		TGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGT	GGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTC
		CAAGGCGGGAGTGGAGACCACCACACC	AAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGG
		CTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGC	TGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAG
		GGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCT	CGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTA

GAGCAGTGGAAGTCCCACAGAAGCTAC			CAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCA
AGCTGCCAGGTCACGCATGAAGGGAGC			GCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTT
ACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACA			GGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTG
GAATGTTCA			AATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTG
			GACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGTG
			ACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCC
			AGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA
			GTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGG
			ACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGA
			GGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGC
			CACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACT
			GGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
			GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA
			TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
			GGCAGCCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
			CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
			CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG

		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2040	SEQ ID NO: 2197
AA	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGN NYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP DRFSGSKSGTSATLAITGLQTGDEADYYC GTFESSLSAVVFGGGTKLTVLGQPKAAPS VTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAV TVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKY AASSYLSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGST VEKTVAPTECS	QMQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYT FTSYDINWVRQAPGQGLEWMGWMNPNS GGTGYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELS SLRSDDTAVYYCARGGDYVFGSYRPYYY YYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPL APSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVS WNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVV TVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKV EPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPP KPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVK FNWYVDGVEVHNAKTKPCEEQYGSTYRC

		VSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
		PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTK
		NQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
		NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQ
		QGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
iPS:362051		SEQ ID NO: 627
5G12.005.001	NA	CAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAG
		GCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGAG
		ACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCT
		TCAGTAGCTATGGCATACACTGGGTCCG
		CCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTG
		GGTGGCAGTTATATGGTATGATGCAAGT
		AATAAGTTCCATGCAGACGCCGTGAAGG
		GCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTC
		CAAGAACACGGCTGTATCTGCAAATGAAC
		AGCCTGAGAGCCGAGGACTCGGCTATGT
		ACTTCTGTGCGAGAGGAAAAGTGGCTGG
		TATGCCTGAAGCTTTTGAAATCTGGGGC
		CAAGGGACATTGGTCACCGTCTCTTCAG
		CCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCC
		CCTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCT

CCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAAGG			GGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGG
TGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACTC			TCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGAC
CCAGGAGAGTGTCACAGAGCAGGACAG			GGTGTCGTGGAACTCAGGCGCCCTGACC
CAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC			AGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCC
ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACG			TACAGTCCTCAGGACTCTACTCCCTCAG
AGAAACACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT			CAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGC
CACCCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTC			TTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACG
ACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT			TGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGT
			GGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCTTGT
			GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCC
			CAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTC
			AGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAAACCCAAG
			GACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTG
			AGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAG
			CCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAAC
			TGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATA
			ATGCCAAGACAAAGCCGTGTGAGGAGC
			AGTACGGCAGCACGTACCGTTGTGTCAG
			CGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGG
			CTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAG
			GTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCA

		TCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAG
		GGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACA
		CCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGAC
		CAAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTG
		GTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCG
		CCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC
		CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCC
		CGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCC
		TCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAG
		CAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
		TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA
		ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCT
		GTCTCCGGGTAAA
	SEQ ID NO: 2041	SEQ ID NO: 2198
AA	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQTISR	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTF
	FLNWYQQKPGKAPKLLIYVASSLQSGVPS	SSYGIHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDASN
	RFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQ	KFHADAVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSL
	SYSTLLSFGQGTKLEIKRTVAAPSVFIFPPS	RAEDSAMYFCARGKVAGMPEAFEIWGQG
	DEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK	TLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA
	VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST	ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHT
	LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTK	FPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC

	SFNRGEC	NVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPC
		PAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
		CVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
		KTKPCEEQYGSTYRCVSVLTVLHQDWLN
		GKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
		PQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYP
		SDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGS
		FFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
		LHNHYTQKSLSLSPGK
	SEQ ID NO: 471	SEQ ID NO: 628

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1-157. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nặng có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 158-314. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1-157 và vùng biến đổi chuỗi nặng có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 158-314. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa một tổ hợp gồm vùng biến đổi chuỗi nhẹ và vùng biến đổi chuỗi nặng được chọn từ nhóm bao gồm vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 1 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 158; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 2 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 159; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 3 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 160; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 4 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 161; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 5 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 162; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 6 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 163; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 7 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 164; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 8 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 165; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 9 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 166; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 10 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 167; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 11 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 168; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 12 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 169; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 13 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 170; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 14 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 171; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 15 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 172; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 16 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 173; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 17 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 174; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 18 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 175; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 19 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 176; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 20 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 177; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 21 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 178; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 22 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 179; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 23 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO:

180; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 24 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 181; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 25 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 182; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 26 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 183; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 27 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 184; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 28 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 185; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 29 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 186; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 30 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 187; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 31 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 188; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 32 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 189; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 33 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 190; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 34 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 191; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 35 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 192; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 36 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 193; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 37 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 194; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 38 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 195; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 39 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 196; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 40 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 197; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 41 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 198; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 42 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 199; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 43 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 200; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 44 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 201; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 45 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 202; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 46 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 203; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 47 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 204; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 48 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 205; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 49 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 206; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 50 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 207; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 51 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 208; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 52 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 209; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 53 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO:

210; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 54 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 211; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 55 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 212; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 56 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 213; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 57 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 214; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 58 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 215; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 59 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 216; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 60 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 217; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 61 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 218; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 62 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 219; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 63 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 220; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 64 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 221; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 65 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 222; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 66 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 223; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 67 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 224; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 68 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 225; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 69 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 226; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 70 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 227; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 71 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 228; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 72 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 229; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 73 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 230; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 74 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 231; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 75 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 232; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 76 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 233; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 77 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 234; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 78 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 235; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 79 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 236; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 80 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 237; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 81 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 238; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 82 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 239; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 83 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO:

240; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 84 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 241; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 85 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 242; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 86 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 243; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 87 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 244; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 88 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 245; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 89 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 246; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 90 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 247; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 91 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 248; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 92 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 249; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 93 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 250; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 94 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 251; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 95 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 252; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 96 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 253; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 97 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 254; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 98 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 255; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 99 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 256; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 100 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 257; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 101 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 258; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 102 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 259; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 103 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 260; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 104 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 261; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 105 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 262; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 106 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 263; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 107 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 264; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 108 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 265; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 109 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 266; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 110 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 267; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 111 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 268; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 112 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 269; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 113 và vùng biến đổi chuỗi nặng là

SEQ ID NO: 270; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 114 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 271; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 115 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 272; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 116 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 273; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 117 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 274; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 118 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 275; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 119 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 276; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 120 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 277; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 121 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 278; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 122 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 279; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 123 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 280; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 124 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 281; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 125 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 282; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 126 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 283; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 127 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 284; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 128 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 285; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 129 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 286; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 130 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 287; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 131 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 288; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 132 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 289; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 133 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 290; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 134 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 291; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 135 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 292; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 136 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 293; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 137 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 294; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 138 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 295; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 139 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 296; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 140 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 297; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 141 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 298; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 142 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 299; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 143 và

vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 300; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 144 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 301; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 145 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 302; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 146 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 303; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 147 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 304; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 148 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 305; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 149 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 306; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 150 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 307; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 151 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 308; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 152 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 309; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 153 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 310; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 154 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 311; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 155 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 312; vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 156 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 313; và vùng biến đổi chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 157 và vùng biến đổi chuỗi nặng là SEQ ID NO: 314.

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1571-1727. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1728-1884. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1571-1727 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1728-1884. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa một tổ hợp gồm vùng biến đổi chuỗi nhẹ và vùng biến đổi chuỗi nặng được chọn từ nhóm bao gồm vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1571 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1728; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1572 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1729; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1573 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1730; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã

hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1574 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1731; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1575 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1732; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1576 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1733; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1577 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1734; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1578 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1735; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1579 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1736; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1580 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1737; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1581 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1738; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1582 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1739; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1583 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1740; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1584 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1741; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1585 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1742; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1586 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1743; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1587 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1744; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1588 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO:

1745; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1589 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1746; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1590 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1747; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1591 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1748; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1592 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1749; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1593 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1750; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1594 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1751; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1595 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1752; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1596 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1753; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1597 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1754; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1598 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1755; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1599 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1756; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1600 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1757; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1601 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1758; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1602 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1759; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1603 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa

bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1760; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1604 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1761; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1605 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1762; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1606 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1763; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1607 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1764; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1608 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1765; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1609 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1766; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1610 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1767; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1611 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1768; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1612 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1769; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1613 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1770; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1614 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1771; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1615 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1772; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1616 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1773; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1617 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1774; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1618 và

vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1775; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1619 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1776; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1620 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1777; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1621 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1778; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1622 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1779; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1623 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1780; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1624 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1781; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1625 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1782; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1626 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1783; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1627 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1784; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1628 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1785; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1629 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1786; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1630 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1787; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1631 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1788; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1632 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1789; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình

tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1633 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1790; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1634 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1791; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1635 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1792; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1636 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1793; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1637 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1794; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1638 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1795; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1639 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1796; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1640 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1797; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1641 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1798; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1642 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1799; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1643 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1800; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1644 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1801; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1645 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1802; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1646 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1803; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1647 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1804; vùng

biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1648 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1805; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1649 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1806; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1650 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1807; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1651 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1808; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1652 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1809; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1653 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1810; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1654 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1811; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1655 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1812; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1656 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1813; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1657 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1814; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1658 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1815; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1659 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1816; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1660 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1817; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1661 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1818; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1662 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1819; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1663 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1820; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1664 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1821; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1665 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1822; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1666 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1823; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1667 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1824; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1668 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1825; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1669 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1826; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1670 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1827; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1671 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1828; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1672 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1829; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1673 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1830; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1674 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1831; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1675 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1832; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1676 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1833; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1677 và vùng biến đổi

chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1834; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1678 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1835; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1679 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1836; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1680 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1837; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1681 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1838; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1682 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1839; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1683 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1840; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1684 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1841; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1685 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1842; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1686 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1843; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1687 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1844; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1688 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1845; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1689 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1846; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1690 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1847; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1691 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1848; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao

gồm SEQ ID NO: 1692 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1849; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1693 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1850; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1694 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1851; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1695 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1852; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1696 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1853; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1697 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1854; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1698 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1855; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1699 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1856; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1700 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1857; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1701 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1858; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1702 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1859; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1703 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1860; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1704 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1861; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1705 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1862; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1706 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1863; vùng biến đổi chuỗi

nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1707 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1864; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1708 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1865; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1709 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1866; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1710 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1867; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1711 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1868; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1712 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1869; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1713 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1870; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1714 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1871; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1715 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1872; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1716 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1873; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1717 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1874; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1718 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1875; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1719 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1876; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1720 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1877; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1721 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm

SEQ ID NO: 1878; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1722 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1879; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1723 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1880; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1724 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1881; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1725 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1882; vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1726 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1883; và vùng biến đổi chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1727 và vùng biến đổi chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1884.

Một vài protein gắn kết kháng nguyên chứa vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi và vùng gấp chuỗi nặng biến đổi như được nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 3. Trong một vài trường hợp, protein gắn kết kháng nguyên chứa hai vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi giống nhau và hai vùng gấp chuỗi nặng biến đổi giống nhau từ một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 3. Một vài protein gắn kết kháng nguyên được đề cập chứa vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi và vùng gấp chuỗi nặng biến đổi như được nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 3, ngoại trừ là một hoặc cả hai vùng gấp khác biệt so với trình tự được nêu trong bảng chỉ ở 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 hoặc 15 gốc axit amin, trong đó mỗi sự khác biệt trình tự như vậy độc lập là mất, thêm và/hoặc thay thế một axit amin, và mất, thêm và/hoặc thay thế nhiều axit amin dẫn đến không có quá 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 hoặc 15 axit amin thay đổi so với các trình tự vùng gấp biến đổi nêu trong BẢNG 3. Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên chứa trình tự vùng biến đổi nêu trong Bảng 3, song đã loại bỏ methionin ở đầu N. Các protein gắn kết kháng nguyên khác cũng chứa vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi và vùng gấp chuỗi nặng biến đổi như được nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 3, ngoại trừ là một hoặc cả hai vùng gấp này khác biệt so với trình tự nêu trong bảng này ở chỗ vùng gấp biến đổi chuỗi nặng và/hoặc vùng gấp biến đổi chuỗi nhẹ chứa

hoặc bao gồm trình tự axit amin có ít nhất 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% trình tự đồng nhất với trình tự axit amin của vùng gấp biến đổi của chuỗi nặng hoặc vùng gấp biến đổi của chuỗi nhẹ như nêu trong BẢNG 3.

Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên chỉ gồm vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi hoặc vùng gấp chuỗi nặng biến đổi thu được từ kháng thể nêu trong BẢNG 3. Cũng theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên chứa hai hoặc nhiều vùng gấp chuỗi nặng biến đổi này hoặc hai hoặc nhiều vùng gấp chuỗi nhẹ biến đổi này từ các trình tự nêu trong BẢNG 3. Các kháng thể vùng gấp như vậy có thể được dung hợp với nhau hoặc được liên kết với nhau thông qua một yếu tố liên kết như được mô tả chi tiết hơn dưới đây. Các kháng thể vùng gấp cũng có thể được dung hợp hoặc được liên kết với một hoặc nhiều phân tử để kéo dài thời gian bán thải (ví dụ, PEG hoặc albumin).

Các protein gắn kết kháng nguyên khác được đề cập là các biến thể của các kháng thể được tạo thành bằng cách kết hợp các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được thể hiện trong BẢNG 3 và bao gồm các chuỗi nhẹ và/hoặc nặng mỗi chuỗi có ít nhất 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99% đồng nhất với các trình tự axit amin của các chuỗi này. Trong một vài trường hợp, các kháng thể này bao gồm ít nhất một chuỗi nặng và một chuỗi nhẹ, trong khi đó trong các trường hợp khác các dạng biến thể chứa hai chuỗi nhẹ giống nhau và hai chuỗi nặng giống nhau.

Các tổ hợp khác của các vùng biến đổi chuỗi nặng có thể được kết hợp với tổ hợp bất kỳ trong số nhiều tổ hợp của các vùng biến đổi chuỗi nhẹ.

Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên phân lập được đề cập ở đây là kháng thể của người bao gồm trình tự nêu trong BẢNG 3 và thuộc typ IgG_1, IgG_2, IgG_3 hoặc IgG_4.

Protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây là các polypeptit mà được ghép, được thêm và/hoặc được liên kết với một hoặc nhiều CDR. Protein gắn kết kháng nguyên có thể có 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 CDR. Do đó, protein gắn kết kháng nguyên có thể có, ví dụ, một CDR1 chuỗi nặng ("CDRH1"), và/hoặc một CDR2 chuỗi nặng ("CDRH2"), và/hoặc một CDR3 chuỗi nặng ("CDRH3"), và/hoặc một CDR1 chuỗi nhẹ ("CDRL1"), và/hoặc một CDR2 chuỗi nhẹ ("CDRL2"), và/hoặc một CDR3 chuỗi nhẹ ("CDRL3"). Một vài protein gắn kết kháng nguyên bao gồm cả CDRH3 và CDRL3. Các CDR của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng cụ thể được nêu trong các BẢNG 4A và 4B, tương ứng.

Các vùng quyết định bổ trợ (CDR) và các vùng khung (FR) của một kháng thể nhất định có thể được xác định bằng cách sử dụng hệ được mô tả bởi Kabat và các đồng tác giả trong tài liệu Sequences of Proteins of Immunological Interest, 5th Ed., US Dept. of Health and Human Services, PHS, NIH, NIH Publication no. 91-3242, 1991. Các kháng thể nhất định được mô tả ở đây chứa một hoặc nhiều trình tự axit amin mà giống hoặc hầu như có trình tự đồng nhất với các trình tự axit amin của một hoặc nhiều trong số các CDR nêu trong các BẢNG 4A và 4B. Các CDR này sử dụng hệ được mô tả bởi Kabat và các đồng tác giả như nêu trên.

Cấu trúc và các đặc tính của các CDR trong kháng thể có nguồn gốc trong tự nhiên đã được mô tả, trên đây. Nói tóm lại, trong một kháng thể truyền thống, các CDR được gắn vào khung trong vùng biến đổi của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng mà chúng tạo nên các vùng đóng vai trò nhận diện và gắn kết kháng nguyên. Vùng biến đổi chứa ít nhất ba CDR chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng, xem, trên đây (Kabat *et al.*, 1991, *Sequences of Proteins of Immunological Interest*, Public Health Service N.I.H., Bethesda, MD; cũng xem tài liệu Chothia và Lesk, 1987, *J. Mol. Biol.* 196:901-917; Chothia *et al.*, 1989, *Nature* 342: 877-883), trong vùng khung (các vùng khung 1-4 được ký hiệu, FR1, FR2, FR3, và FR4, theo tài liệu Kabat *et al.*, 1991, *trên đây*; cũng xem tài liệu Chothia và Lesk, 1987, trên đây). Các CDR được đề cập ở đây, tuy nhiên, có thể không chỉ được sử dụng để xác định vùng gấp gắn kết kháng nguyên của một cấu trúc kháng thể truyền thống, mà còn được bao gồm trong nhiều cấu trúc polypeptit khác, như được mô tả ở đây.

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 629-785. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL2 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 786-942. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL3 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 943-1099. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH1 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1100-1256. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH2 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1257-1413. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH3 bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1414-1570. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và

CDRH3, trong đó mỗi CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3, tương ứng, bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 786, SEQ ID NO: 943, SEQ ID NO: 1100, SEQ ID NO: 1257, và SEQ ID NO: 1414; SEQ ID NO: 630, SEQ ID NO: 787, SEQ ID NO: 944, SEQ ID NO: 1101, SEQ ID NO: 1258, và SEQ ID NO: 1415; SEQ ID NO: 631, SEQ ID NO: 788, SEQ ID NO: 945, SEQ ID NO: 1102, SEQ ID NO: 1259, và SEQ ID NO: 1416; SEQ ID NO: 632, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 946, SEQ ID NO: 1103, SEQ ID NO: 1260, và SEQ ID NO: 1417; SEQ ID NO: 633, SEQ ID NO: 790, SEQ ID NO: 947, SEQ ID NO: 1104, SEQ ID NO: 1261, và SEQ ID NO: 1418; SEQ ID NO: 634, SEQ ID NO: 791, SEQ ID NO: 948, SEQ ID NO: 1105, SEQ ID NO: 1262, và SEQ ID NO: 1419; SEQ ID NO: 635, SEQ ID NO: 792, SEQ ID NO: 949, SEQ ID NO: 1106, SEQ ID NO: 1263, và SEQ ID NO: 1420; SEQ ID NO: 636, SEQ ID NO: 793, SEQ ID NO: 950, SEQ ID NO: 1107, SEQ ID NO: 1264, và SEQ ID NO: 1421; SEQ ID NO: 637, SEQ ID NO: 794, SEQ ID NO: 951, SEQ ID NO: 1108, SEQ ID NO: 1265, và SEQ ID NO: 1422; SEQ ID NO: 638, SEQ ID NO: 795, SEQ ID NO: 952, SEQ ID NO: 1109, SEQ ID NO: 1266, và SEQ ID NO: 1423; SEQ ID NO: 639, SEQ ID NO: 796, SEQ ID NO: 953, SEQ ID NO: 1110, SEQ ID NO: 1267, và SEQ ID NO: 1424; SEQ ID NO: 640, SEQ ID NO: 797, SEQ ID NO: 954, SEQ ID NO: 1111, SEQ ID NO: 1268, và SEQ ID NO: 1425; SEQ ID NO: 641, SEQ ID NO: 798, SEQ ID NO: 955, SEQ ID NO: 1112, SEQ ID NO: 1269, và SEQ ID NO: 1426; SEQ ID NO: 642, SEQ ID NO: 799, SEQ ID NO: 956, SEQ ID NO: 1113, SEQ ID NO: 1270, và SEQ ID NO: 1427; SEQ ID NO: 643, SEQ ID NO: 800, SEQ ID NO: 957, SEQ ID NO: 1114, SEQ ID NO: 1271, và SEQ ID NO: 1428; SEQ ID NO: 644, SEQ ID NO: 801, SEQ ID NO: 958, SEQ ID NO: 1115, SEQ ID NO: 1272, và SEQ ID NO: 1429; SEQ ID NO: 645, SEQ ID NO: 802, SEQ ID NO: 959, SEQ ID NO: 1116, SEQ ID NO: 1273, và SEQ ID NO: 1430; SEQ ID NO: 646, SEQ ID NO: 803, SEQ ID NO: 960, SEQ ID NO: 1117, SEQ ID NO: 1274, và SEQ ID NO: 1431; SEQ ID NO: 647, SEQ ID NO: 804, SEQ ID NO: 961, SEQ ID NO: 1118, SEQ ID NO: 1275, và SEQ ID NO: 1432; SEQ ID NO: 648, SEQ ID NO: 805, SEQ ID NO: 962, SEQ ID NO: 1119, SEQ ID NO: 1276, và SEQ ID NO: 1433; SEQ ID NO: 649, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 963, SEQ ID NO: 1120, SEQ ID NO: 1277, và SEQ ID NO: 1434; SEQ ID NO: 650, SEQ ID NO: 807, SEQ ID NO: 964, SEQ ID NO: 1121, SEQ ID NO: 1278, và SEQ ID NO: 1435; SEQ ID NO: 651, SEQ ID NO: 808, SEQ ID NO: 965, SEQ ID NO: 1122, SEQ ID NO: 1279, và

SEQ ID NO: 1436; SEQ ID NO: 652, SEQ ID NO: 809, SEQ ID NO: 966, SEQ ID NO: 1123, SEQ ID NO: 1280, và SEQ ID NO: 1437; SEQ ID NO: 653, SEQ ID NO: 810, SEQ ID NO: 967, SEQ ID NO: 1124, SEQ ID NO: 1281, và SEQ ID NO: 1438; SEQ ID NO: 654, SEQ ID NO: 811, SEQ ID NO: 968, SEQ ID NO: 1125, SEQ ID NO: 1282, và SEQ ID NO: 1439; SEQ ID NO: 655, SEQ ID NO: 812, SEQ ID NO: 969, SEQ ID NO: 1126, SEQ ID NO: 1283, và SEQ ID NO: 1440; SEQ ID NO: 656, SEQ ID NO: 813, SEQ ID NO: 970, SEQ ID NO: 1127, SEQ ID NO: 1284, và SEQ ID NO: 1441; SEQ ID NO: 657, SEQ ID NO: 814, SEQ ID NO: 971, SEQ ID NO: 1128, SEQ ID NO: 1285, và SEQ ID NO: 1442; SEQ ID NO: 658, SEQ ID NO: 815, SEQ ID NO: 972, SEQ ID NO: 1129, SEQ ID NO: 1286, và SEQ ID NO: 1443; SEQ ID NO: 659, SEQ ID NO: 816, SEQ ID NO: 973, SEQ ID NO: 1130, SEQ ID NO: 1287, và SEQ ID NO: 1444; SEQ ID NO: 660, SEQ ID NO: 817, SEQ ID NO: 974, SEQ ID NO: 1131, SEQ ID NO: 1288, và SEQ ID NO: 1445; SEQ ID NO: 661, SEQ ID NO: 818, SEQ ID NO: 975, SEQ ID NO: 1132, SEQ ID NO: 1289, và SEQ ID NO: 1446; SEQ ID NO: 662, SEQ ID NO: 819, SEQ ID NO: 976, SEQ ID NO: 1133, SEQ ID NO: 1290, và SEQ ID NO: 1447; SEQ ID NO: 663, SEQ ID NO: 820, SEQ ID NO: 977, SEQ ID NO: 1134, SEQ ID NO: 1291, và SEQ ID NO: 1448; SEQ ID NO: 664, SEQ ID NO: 821, SEQ ID NO: 978, SEQ ID NO: 1135, SEQ ID NO: 1292, và SEQ ID NO: 1449; SEQ ID NO: 665, SEQ ID NO: 822, SEQ ID NO: 979, SEQ ID NO: 1136, SEQ ID NO: 1293, và SEQ ID NO: 1450; SEQ ID NO: 666, SEQ ID NO: 823, SEQ ID NO: 980, SEQ ID NO: 1137, SEQ ID NO: 1294, và SEQ ID NO: 1451; SEQ ID NO: 667, SEQ ID NO: 824, SEQ ID NO: 981, SEQ ID NO: 1138, SEQ ID NO: 1295, và SEQ ID NO: 1452; SEQ ID NO: 668, SEQ ID NO: 825, SEQ ID NO: 982, SEQ ID NO: 1139, SEQ ID NO: 1296, và SEQ ID NO: 1453; SEQ ID NO: 669, SEQ ID NO: 826, SEQ ID NO: 983, SEQ ID NO: 1140, SEQ ID NO: 1297, và SEQ ID NO: 1454; SEQ ID NO: 670, SEQ ID NO: 827, SEQ ID NO: 984, SEQ ID NO: 1141, SEQ ID NO: 1298, và SEQ ID NO: 1455; SEQ ID NO: 671, SEQ ID NO: 828, SEQ ID NO: 985, SEQ ID NO: 1142, SEQ ID NO: 1299, và SEQ ID NO: 1456; SEQ ID NO: 672, SEQ ID NO: 829, SEQ ID NO: 986, SEQ ID NO: 1143, SEQ ID NO: 1300, và SEQ ID NO: 1457; SEQ ID NO: 673, SEQ ID NO: 830, SEQ ID NO: 987, SEQ ID NO: 1144, SEQ ID NO: 1301, và SEQ ID NO: 1458; SEQ ID NO: 674, SEQ ID NO: 831, SEQ ID NO: 988, SEQ ID NO: 1145, SEQ ID NO: 1302, và SEQ ID NO: 1459; SEQ ID NO: 675, SEQ ID NO: 832, SEQ ID NO: 989, SEQ ID NO: 1146, SEQ ID NO: 1303, và

SEQ ID NO: 1460; SEQ ID NO: 676, SEQ ID NO: 833, SEQ ID NO: 990, SEQ ID NO: 1147, SEQ ID NO: 1304, và SEQ ID NO: 1461; SEQ ID NO: 677, SEQ ID NO: 834, SEQ ID NO: 991, SEQ ID NO: 1148, SEQ ID NO: 1305, và SEQ ID NO: 1462; SEQ ID NO: 678, SEQ ID NO: 835, SEQ ID NO: 992, SEQ ID NO: 1149, SEQ ID NO: 1306, và SEQ ID NO: 1463; SEQ ID NO: 679, SEQ ID NO: 836, SEQ ID NO: 993, SEQ ID NO: 1150, SEQ ID NO: 1307, và SEQ ID NO: 1464; SEQ ID NO: 680, SEQ ID NO: 837, SEQ ID NO: 994, SEQ ID NO: 1151, SEQ ID NO: 1308, và SEQ ID NO: 1465; SEQ ID NO: 681, SEQ ID NO: 838, SEQ ID NO: 995, SEQ ID NO: 1152, SEQ ID NO: 1309, và SEQ ID NO: 1466; SEQ ID NO: 682, SEQ ID NO: 839, SEQ ID NO: 996, SEQ ID NO: 1153, SEQ ID NO: 1310, và SEQ ID NO: 1467; SEQ ID NO: 683, SEQ ID NO: 840, SEQ ID NO: 997, SEQ ID NO: 1154, SEQ ID NO: 1311, và SEQ ID NO: 1468; SEQ ID NO: 684, SEQ ID NO: 841, SEQ ID NO: 998, SEQ ID NO: 1155, SEQ ID NO: 1312, và SEQ ID NO: 1469; SEQ ID NO: 685, SEQ ID NO: 842, SEQ ID NO: 999, SEQ ID NO: 1156, SEQ ID NO: 1313, và SEQ ID NO: 1470; SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 843, SEQ ID NO: 1000, SEQ ID NO: 1157, SEQ ID NO: 1314, và SEQ ID NO: 1471; SEQ ID NO: 687, SEQ ID NO: 844, SEQ ID NO: 1001, SEQ ID NO: 1158, SEQ ID NO: 1315, và SEQ ID NO: 1472; SEQ ID NO: 688, SEQ ID NO: 845, SEQ ID NO: 1002, SEQ ID NO: 1159, SEQ ID NO: 1316, và SEQ ID NO: 1473; SEQ ID NO: 689, SEQ ID NO: 846, SEQ ID NO: 1003, SEQ ID NO: 1160, SEQ ID NO: 1317, và SEQ ID NO: 1474; SEQ ID NO: 690, SEQ ID NO: 847, SEQ ID NO: 1004, SEQ ID NO: 1161, SEQ ID NO: 1318, và SEQ ID NO: 1475; SEQ ID NO: 691, SEQ ID NO: 848, SEQ ID NO: 1005, SEQ ID NO: 1162, SEQ ID NO: 1319, và SEQ ID NO: 1476; SEQ ID NO: 692, SEQ ID NO: 849, SEQ ID NO: 1006, SEQ ID NO: 1163, SEQ ID NO: 1320, và SEQ ID NO: 1477; SEQ ID NO: 693, SEQ ID NO: 850, SEQ ID NO: 1007, SEQ ID NO: 1164, SEQ ID NO: 1321, và SEQ ID NO: 1478; SEQ ID NO: 694, SEQ ID NO: 851, SEQ ID NO: 1008, SEQ ID NO: 1165, SEQ ID NO: 1322, và SEQ ID NO: 1479; SEQ ID NO: 695, SEQ ID NO: 852, SEQ ID NO: 1009, SEQ ID NO: 1166, SEQ ID NO: 1323, và SEQ ID NO: 1480; SEQ ID NO: 696, SEQ ID NO: 853, SEQ ID NO: 1010, SEQ ID NO: 1167, SEQ ID NO: 1324, và SEQ ID NO: 1481; SEQ ID NO: 697, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 1011, SEQ ID NO: 1168, SEQ ID NO: 1325, và SEQ ID NO: 1482; SEQ ID NO: 698, SEQ ID NO: 855, SEQ ID NO: 1012, SEQ ID NO: 1169, SEQ ID NO: 1326, và SEQ ID NO: 1483; SEQ ID NO: 699, SEQ ID NO: 856, SEQ ID NO: 1013,

SEQ ID NO: 1170, SEQ ID NO: 1327, và SEQ ID NO: 1484; SEQ ID NO: 700, SEQ ID NO: 857, SEQ ID NO: 1014, SEQ ID NO: 1171, SEQ ID NO: 1328, và SEQ ID NO: 1485; SEQ ID NO: 701, SEQ ID NO: 858, SEQ ID NO: 1015, SEQ ID NO: 1172, SEQ ID NO: 1329, và SEQ ID NO: 1486; SEQ ID NO: 702, SEQ ID NO: 859, SEQ ID NO: 1016, SEQ ID NO: 1173, SEQ ID NO: 1330, và SEQ ID NO: 1487; SEQ ID NO: 703, SEQ ID NO: 860, SEQ ID NO: 1017, SEQ ID NO: 1174, SEQ ID NO: 1331, và SEQ ID NO: 1488; SEQ ID NO: 704, SEQ ID NO: 861, SEQ ID NO: 1018, SEQ ID NO: 1175, SEQ ID NO: 1332, và SEQ ID NO: 1489; SEQ ID NO: 705, SEQ ID NO: 862, SEQ ID NO: 1019, SEQ ID NO: 1176, SEQ ID NO: 1333, và SEQ ID NO: 1490; SEQ ID NO: 706, SEQ ID NO: 863, SEQ ID NO: 1020, SEQ ID NO: 1177, SEQ ID NO: 1334, và SEQ ID NO: 1491; SEQ ID NO: 707, SEQ ID NO: 864, SEQ ID NO: 1021, SEQ ID NO: 1178, SEQ ID NO: 1335, và SEQ ID NO: 1492; SEQ ID NO: 708, SEQ ID NO: 865, SEQ ID NO: 1022, SEQ ID NO: 1179, SEQ ID NO: 1336, và SEQ ID NO: 1493; SEQ ID NO: 709, SEQ ID NO: 866, SEQ ID NO: 1023, SEQ ID NO: 1180, SEQ ID NO: 1337, và SEQ ID NO: 1494; SEQ ID NO: 710, SEQ ID NO: 867, SEQ ID NO: 1024, SEQ ID NO: 1181, SEQ ID NO: 1338, và SEQ ID NO: 1495; SEQ ID NO: 711, SEQ ID NO: 868, SEQ ID NO: 1025, SEQ ID NO: 1182, SEQ ID NO: 1339, và SEQ ID NO: 1496; SEQ ID NO: 712, SEQ ID NO: 869, SEQ ID NO: 1026, SEQ ID NO: 1183, SEQ ID NO: 1340, và SEQ ID NO: 1497; SEQ ID NO: 713, SEQ ID NO: 870, SEQ ID NO: 1027, SEQ ID NO: 1184, SEQ ID NO: 1341, và SEQ ID NO: 1498; SEQ ID NO: 714, SEQ ID NO: 871, SEQ ID NO: 1028, SEQ ID NO: 1185, SEQ ID NO: 1342, và SEQ ID NO: 1499; SEQ ID NO: 715, SEQ ID NO: 872, SEQ ID NO: 1029, SEQ ID NO: 1186, SEQ ID NO: 1343, và SEQ ID NO: 1500; SEQ ID NO: 716, SEQ ID NO: 873, SEQ ID NO: 1030, SEQ ID NO: 1187, SEQ ID NO: 1344, và SEQ ID NO: 1501; SEQ ID NO: 717, SEQ ID NO: 874, SEQ ID NO: 1031, SEQ ID NO: 1188, SEQ ID NO: 1345, và SEQ ID NO: 1502; SEQ ID NO: 718, SEQ ID NO: 875, SEQ ID NO: 1032, SEQ ID NO: 1189, SEQ ID NO: 1346, và SEQ ID NO: 1503; SEQ ID NO: 719, SEQ ID NO: 876, SEQ ID NO: 1033, SEQ ID NO: 1190, SEQ ID NO: 1347, và SEQ ID NO: 1504; SEQ ID NO: 720, SEQ ID NO: 877, SEQ ID NO: 1034, SEQ ID NO: 1191, SEQ ID NO: 1348, và SEQ ID NO: 1505; SEQ ID NO: 721, SEQ ID NO: 878, SEQ ID NO: 1035, SEQ ID NO: 1192, SEQ ID NO: 1349, và SEQ ID NO: 1506; SEQ ID NO: 722, SEQ ID NO: 879, SEQ ID NO: 1036, SEQ ID NO: 1193, SEQ ID NO: 1350, và SEQ ID NO:

1507; SEQ ID NO: 723, SEQ ID NO: 880, SEQ ID NO: 1037, SEQ ID NO: 1194, SEQ ID NO: 1351, và SEQ ID NO: 1508; SEQ ID NO: 724, SEQ ID NO: 881, SEQ ID NO: 1038, SEQ ID NO: 1195, SEQ ID NO: 1352, và SEQ ID NO: 1509; SEQ ID NO: 725, SEQ ID NO: 882, SEQ ID NO: 1039, SEQ ID NO: 1196, SEQ ID NO: 1353, và SEQ ID NO: 1510; SEQ ID NO: 726, SEQ ID NO: 883, SEQ ID NO: 1040, SEQ ID NO: 1197, SEQ ID NO: 1354, và SEQ ID NO: 1511; SEQ ID NO: 727, SEQ ID NO: 884, SEQ ID NO: 1041, SEQ ID NO: 1198, SEQ ID NO: 1355, và SEQ ID NO: 1512; SEQ ID NO: 728, SEQ ID NO: 885, SEQ ID NO: 1042, SEQ ID NO: 1199, SEQ ID NO: 1356, và SEQ ID NO: 1513; SEQ ID NO: 729, SEQ ID NO: 886, SEQ ID NO: 1043, SEQ ID NO: 1200, SEQ ID NO: 1357, và SEQ ID NO: 1514; SEQ ID NO: 730, SEQ ID NO: 887, SEQ ID NO: 1044, SEQ ID NO: 1201, SEQ ID NO: 1358, và SEQ ID NO: 1515; SEQ ID NO: 731, SEQ ID NO: 888, SEQ ID NO: 1045, SEQ ID NO: 1202, SEQ ID NO: 1359, và SEQ ID NO: 1516; SEQ ID NO: 732, SEQ ID NO: 889, SEQ ID NO: 1046, SEQ ID NO: 1203, SEQ ID NO: 1360, và SEQ ID NO: 1517; SEQ ID NO: 733, SEQ ID NO: 890, SEQ ID NO: 1047, SEQ ID NO: 1204, SEQ ID NO: 1361, và SEQ ID NO: 1518; SEQ ID NO: 734, SEQ ID NO: 891, SEQ ID NO: 1048, SEQ ID NO: 1205, SEQ ID NO: 1362, và SEQ ID NO: 1519; SEQ ID NO: 735, SEQ ID NO: 892, SEQ ID NO: 1049, SEQ ID NO: 1206, SEQ ID NO: 1363, và SEQ ID NO: 1520; SEQ ID NO: 736, SEQ ID NO: 893, SEQ ID NO: 1050, SEQ ID NO: 1207, SEQ ID NO: 1364, và SEQ ID NO: 1521; SEQ ID NO: 737, SEQ ID NO: 894, SEQ ID NO: 1051, SEQ ID NO: 1208, SEQ ID NO: 1365, và SEQ ID NO: 1522; SEQ ID NO: 738, SEQ ID NO: 895, SEQ ID NO: 1052, SEQ ID NO: 1209, SEQ ID NO: 1366, và SEQ ID NO: 1523; SEQ ID NO: 739, SEQ ID NO: 896, SEQ ID NO: 1053, SEQ ID NO: 1210, SEQ ID NO: 1367, và SEQ ID NO: 1524; SEQ ID NO: 740, SEQ ID NO: 897, SEQ ID NO: 1054, SEQ ID NO: 1211, SEQ ID NO: 1368, và SEQ ID NO: 1525; SEQ ID NO: 741, SEQ ID NO: 898, SEQ ID NO: 1055, SEQ ID NO: 1212, SEQ ID NO: 1369, và SEQ ID NO: 1526; SEQ ID NO: 742, SEQ ID NO: 899, SEQ ID NO: 1056, SEQ ID NO: 1213, SEQ ID NO: 1370, và SEQ ID NO: 1527; SEQ ID NO: 743, SEQ ID NO: 900, SEQ ID NO: 1057, SEQ ID NO: 1214, SEQ ID NO: 1371, và SEQ ID NO: 1528; SEQ ID NO: 744, SEQ ID NO: 901, SEQ ID NO: 1058, SEQ ID NO: 1215, SEQ ID NO: 1372, và SEQ ID NO: 1529; SEQ ID NO: 745, SEQ ID NO: 902, SEQ ID NO: 1059, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1373, và SEQ ID NO: 1530; SEQ ID NO: 746, SEQ ID NO: 903, SEQ ID NO:

1060, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1374, và SEQ ID NO: 1531; SEQ ID NO: 747, SEQ ID NO: 904, SEQ ID NO: 1061, SEQ ID NO: 1218, SEQ ID NO: 1375, và SEQ ID NO: 1532; SEQ ID NO: 748, SEQ ID NO: 905, SEQ ID NO: 1062, SEQ ID NO: 1219, SEQ ID NO: 1376, và SEQ ID NO: 1533; SEQ ID NO: 749, SEQ ID NO: 906, SEQ ID NO: 1063, SEQ ID NO: 1220, SEQ ID NO: 1377, và SEQ ID NO: 1534; SEQ ID NO: 750, SEQ ID NO: 907, SEQ ID NO: 1064, SEQ ID NO: 1221, SEQ ID NO: 1378, và SEQ ID NO: 1535; SEQ ID NO: 751, SEQ ID NO: 908, SEQ ID NO: 1065, SEQ ID NO: 1222, SEQ ID NO: 1379, và SEQ ID NO: 1536; SEQ ID NO: 752, SEQ ID NO: 909, SEQ ID NO: 1066, SEQ ID NO: 1223, SEQ ID NO: 1380, và SEQ ID NO: 1537; SEQ ID NO: 753, SEQ ID NO: 910, SEQ ID NO: 1067, SEQ ID NO: 1224, SEQ ID NO: 1381, và SEQ ID NO: 1538; SEQ ID NO: 754, SEQ ID NO: 911, SEQ ID NO: 1068, SEQ ID NO: 1225, SEQ ID NO: 1382, và SEQ ID NO: 1539; SEQ ID NO: 755, SEQ ID NO: 912, SEQ ID NO: 1069, SEQ ID NO: 1226, SEQ ID NO: 1383, và SEQ ID NO: 1540; SEQ ID NO: 756, SEQ ID NO: 913, SEQ ID NO: 1070, SEQ ID NO: 1227, SEQ ID NO: 1384, và SEQ ID NO: 1541; SEQ ID NO: 757, SEQ ID NO: 914, SEQ ID NO: 1071, SEQ ID NO: 1228, SEQ ID NO: 1385, và SEQ ID NO: 1542; SEQ ID NO: 758, SEQ ID NO: 915, SEQ ID NO: 1072, SEQ ID NO: 1229, SEQ ID NO: 1386, và SEQ ID NO: 1543; SEQ ID NO: 759, SEQ ID NO: 916, SEQ ID NO: 1073, SEQ ID NO: 1230, SEQ ID NO: 1387, và SEQ ID NO: 1544; SEQ ID NO: 760, SEQ ID NO: 917, SEQ ID NO: 1074, SEQ ID NO: 1231, SEQ ID NO: 1388, và SEQ ID NO: 1545; SEQ ID NO: 761, SEQ ID NO: 918, SEQ ID NO: 1075, SEQ ID NO: 1232, SEQ ID NO: 1389, và SEQ ID NO: 1546; SEQ ID NO: 762, SEQ ID NO: 919, SEQ ID NO: 1076, SEQ ID NO: 1233, SEQ ID NO: 1390, và SEQ ID NO: 1547; SEQ ID NO: 763, SEQ ID NO: 920, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1234, SEQ ID NO: 1391, và SEQ ID NO: 1548; SEQ ID NO: 764, SEQ ID NO: 921, SEQ ID NO: 1078, SEQ ID NO: 1235, SEQ ID NO: 1392, và SEQ ID NO: 1549; SEQ ID NO: 765, SEQ ID NO: 922, SEQ ID NO: 1079, SEQ ID NO: 1236, SEQ ID NO: 1393, và SEQ ID NO: 1550; SEQ ID NO: 766, SEQ ID NO: 923, SEQ ID NO: 1080, SEQ ID NO: 1237, SEQ ID NO: 1394, và SEQ ID NO: 1551; SEQ ID NO: 767, SEQ ID NO: 924, SEQ ID NO: 1081, SEQ ID NO: 1238, SEQ ID NO: 1395, và SEQ ID NO: 1552; SEQ ID NO: 768, SEQ ID NO: 925, SEQ ID NO: 1082, SEQ ID NO: 1239, SEQ ID NO: 1396, và SEQ ID NO: 1553; SEQ ID NO: 769, SEQ ID NO: 926, SEQ ID NO: 1083, SEQ ID NO: 1240, SEQ ID NO: 1397, và SEQ ID

NO: 1554; SEQ ID NO: 770, SEQ ID NO: 927, SEQ ID NO: 1084, SEQ ID NO: 1241, SEQ ID NO: 1398, và SEQ ID NO: 1555; SEQ ID NO: 771, SEQ ID NO: 928, SEQ ID NO: 1085, SEQ ID NO: 1242, SEQ ID NO: 1399, và SEQ ID NO: 1556; SEQ ID NO: 772, SEQ ID NO: 929, SEQ ID NO: 1086, SEQ ID NO: 1243, SEQ ID NO: 1400, và SEQ ID NO: 1557; SEQ ID NO: 773, SEQ ID NO: 930, SEQ ID NO: 1087, SEQ ID NO: 1244, SEQ ID NO: 1401, và SEQ ID NO: 1558; SEQ ID NO: 774, SEQ ID NO: 931, SEQ ID NO: 1088, SEQ ID NO: 1245, SEQ ID NO: 1402, và SEQ ID NO: 1559; SEQ ID NO: 775, SEQ ID NO: 932, SEQ ID NO: 1089, SEQ ID NO: 1246, SEQ ID NO: 1403, và SEQ ID NO: 1560; SEQ ID NO: 776, SEQ ID NO: 933, SEQ ID NO: 1090, SEQ ID NO: 1247, SEQ ID NO: 1404, và SEQ ID NO: 1561; SEQ ID NO: 777, SEQ ID NO: 934, SEQ ID NO: 1091, SEQ ID NO: 1248, SEQ ID NO: 1405, và SEQ ID NO: 1562; SEQ ID NO: 778, SEQ ID NO: 935, SEQ ID NO: 1092, SEQ ID NO: 1249, SEQ ID NO: 1406, và SEQ ID NO: 1563; SEQ ID NO: 779, SEQ ID NO: 936, SEQ ID NO: 1093, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1407, và SEQ ID NO: 1564; SEQ ID NO: 780, SEQ ID NO: 937, SEQ ID NO: 1094, SEQ ID NO: 1251, SEQ ID NO: 1408, và SEQ ID NO: 1565; SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 938, SEQ ID NO: 1095, SEQ ID NO: 1252, SEQ ID NO: 1409, và SEQ ID NO: 1566; SEQ ID NO: 782, SEQ ID NO: 939, SEQ ID NO: 1096, SEQ ID NO: 1253, SEQ ID NO: 1410, và SEQ ID NO: 1567; SEQ ID NO: 783, SEQ ID NO: 940, SEQ ID NO: 1097, SEQ ID NO: 1254, SEQ ID NO: 1411, và SEQ ID NO: 1568; SEQ ID NO: 784, SEQ ID NO: 941, SEQ ID NO: 1098, SEQ ID NO: 1255, SEQ ID NO: 1412, và SEQ ID NO: 1569; và SEQ ID NO: 785, SEQ ID NO: 942, SEQ ID NO: 1099, SEQ ID NO: 1256, SEQ ID NO: 1413, và SEQ ID NO: 1570.

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3 được mã hóa bởi polynucleotit. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1 được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2199-2355. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL2 được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2356-2512. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL3 được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2513-2669. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH1 được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2700-2826. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH2 được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2827-2983. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRH3 được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2984-3140. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3, trong đó mỗi CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3, tương ứng, được mã hóa bởi trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2199, SEQ ID NO: 2356, SEQ ID NO: 2513, SEQ ID NO: 2670, SEQ ID NO: 2827, và SEQ ID NO: 2984 ; SEQ ID NO: 2200, SEQ ID NO: 2357, SEQ ID NO: 2514, SEQ ID NO: 2671, SEQ ID NO: 2828, và SEQ ID NO: 2985 ; SEQ ID NO: 2201, SEQ ID NO: 2358, SEQ ID NO: 2515, SEQ ID NO: 2672, SEQ ID NO: 2829, và SEQ ID NO: 2986 ; SEQ ID NO: 2202, SEQ ID NO: 2359, SEQ ID NO: 2516, SEQ ID NO: 2673, SEQ ID NO: 2830, và SEQ ID NO: 2987 ; SEQ ID NO: 2203, SEQ ID NO: 2360, SEQ ID NO: 2517, SEQ ID NO: 2674, SEQ ID NO: 2831, và SEQ ID NO: 2988 ; SEQ ID NO: 2204, SEQ ID NO: 2361, SEQ ID NO: 2518, SEQ ID NO: 2675, SEQ ID NO: 2832, và SEQ ID NO: 2989 ; SEQ ID NO: 2205, SEQ ID NO: 2362, SEQ ID NO: 2519, SEQ ID NO: 2676, SEQ ID NO: 2833, và SEQ ID NO: 2990 ; SEQ ID NO: 2206, SEQ ID NO: 2363, SEQ ID NO: 2520, SEQ ID NO: 2677, SEQ ID NO: 2834, và SEQ ID NO: 2991 ; SEQ ID NO: 2207, SEQ ID NO: 2364, SEQ ID NO: 2521, SEQ ID NO: 2678, SEQ ID NO: 2835, và SEQ ID NO: 2992 ; SEQ ID NO: 2208, SEQ ID NO: 2365, SEQ ID NO: 2522, SEQ ID NO: 2679, SEQ ID NO: 2836, và SEQ ID NO: 2993 ; SEQ ID NO: 2209, SEQ ID NO: 2366, SEQ ID NO: 2523, SEQ ID NO: 2680, SEQ ID NO: 2837, và SEQ ID NO: 2994 ; SEQ ID NO: 2210, SEQ ID NO: 2367, SEQ ID NO: 2524, SEQ ID NO: 2681, SEQ ID NO: 2838, và SEQ ID NO: 2995 ; SEQ ID NO: 2211, SEQ ID NO: 2368, SEQ ID NO: 2525, SEQ ID NO: 2682, SEQ ID NO: 2839, và SEQ ID NO: 2996 ; SEQ ID NO: 2212, SEQ ID NO: 2369, SEQ ID NO: 2526, SEQ ID NO: 2683, SEQ ID NO: 2840, và SEQ ID NO: 2997 ; SEQ ID NO: 2213, SEQ ID NO: 2370, SEQ ID NO: 2527, SEQ ID NO: 2684, SEQ ID NO: 2841, và SEQ ID NO: 2998 ; SEQ ID NO: 2214, SEQ ID NO: 2371, SEQ ID NO: 2528, SEQ ID NO: 2685, SEQ ID NO: 2842, và SEQ ID NO: 2999 ; SEQ ID NO: 2215, SEQ ID NO: 2372, SEQ ID NO: 2529, SEQ ID NO: 2686, SEQ ID NO: 2843, và SEQ ID NO: 3000 ; SEQ ID NO: 2216, SEQ ID NO: 2373, SEQ ID NO: 2530, SEQ ID NO: 2687, SEQ ID NO: 2844, và SEQ ID NO: 3001 ; SEQ ID NO: 2217, SEQ ID NO: 2374, SEQ ID NO: 2531, SEQ ID NO: 2688, SEQ ID NO: 2845, và SEQ ID NO: 3002 ; SEQ ID

NO: 2218, SEQ ID NO: 2375, SEQ ID NO: 2532, SEQ ID NO: 2689, SEQ ID NO: 2846, và SEQ ID NO: 3003 ; SEQ ID NO: 2219, SEQ ID NO: 2376, SEQ ID NO: 2533, SEQ ID NO: 2690, SEQ ID NO: 2847, và SEQ ID NO: 3004 ; SEQ ID NO: 2220, SEQ ID NO: 2377, SEQ ID NO: 2534, SEQ ID NO: 2691, SEQ ID NO: 2848, và SEQ ID NO: 3005 ; SEQ ID NO: 2221, SEQ ID NO: 2378, SEQ ID NO: 2535, SEQ ID NO: 2692, SEQ ID NO: 2849, và SEQ ID NO: 3006 ; SEQ ID NO: 2222, SEQ ID NO: 2379, SEQ ID NO: 2536, SEQ ID NO: 2693, SEQ ID NO: 2850, và SEQ ID NO: 3007 ; SEQ ID NO: 2223, SEQ ID NO: 2380, SEQ ID NO: 2537, SEQ ID NO: 2694, SEQ ID NO: 2851, và SEQ ID NO: 3008 ; SEQ ID NO: 2224, SEQ ID NO: 2381, SEQ ID NO: 2538, SEQ ID NO: 2695, SEQ ID NO: 2852, và SEQ ID NO: 3009 ; SEQ ID NO: 2225, SEQ ID NO: 2382, SEQ ID NO: 2539, SEQ ID NO: 2696, SEQ ID NO: 2853, và SEQ ID NO: 3010 ; SEQ ID NO: 2226, SEQ ID NO: 2383, SEQ ID NO: 2540, SEQ ID NO: 2697, SEQ ID NO: 2854, và SEQ ID NO: 3011 ; SEQ ID NO: 2227, SEQ ID NO: 2384, SEQ ID NO: 2541, SEQ ID NO: 2698, SEQ ID NO: 2855, và SEQ ID NO: 3012 ; SEQ ID NO: 2228, SEQ ID NO: 2385, SEQ ID NO: 2542, SEQ ID NO: 2699, SEQ ID NO: 2856, và SEQ ID NO: 3013 ; SEQ ID NO: 2229, SEQ ID NO: 2386, SEQ ID NO: 2543, SEQ ID NO: 2700, SEQ ID NO: 2857, và SEQ ID NO: 3014 ; SEQ ID NO: 2230, SEQ ID NO: 2387, SEQ ID NO: 2544, SEQ ID NO: 2701, SEQ ID NO: 2858, và SEQ ID NO: 3015 ; SEQ ID NO: 2231, SEQ ID NO: 2388, SEQ ID NO: 2545, SEQ ID NO: 2702, SEQ ID NO: 2859, và SEQ ID NO: 3016 ; SEQ ID NO: 2232, SEQ ID NO: 2389, SEQ ID NO: 2546, SEQ ID NO: 2703, SEQ ID NO: 2860, và SEQ ID NO: 3017 ; SEQ ID NO: 2233, SEQ ID NO: 2390, SEQ ID NO: 2547, SEQ ID NO: 2704, SEQ ID NO: 2861, và SEQ ID NO: 3018 ; SEQ ID NO: 2234, SEQ ID NO: 2391, SEQ ID NO: 2548, SEQ ID NO: 2705, SEQ ID NO: 2862, và SEQ ID NO: 3019 ; SEQ ID NO: 2235, SEQ ID NO: 2392, SEQ ID NO: 2549, SEQ ID NO: 2706, SEQ ID NO: 2863, và SEQ ID NO: 3020 ; SEQ ID NO: 2236, SEQ ID NO: 2393, SEQ ID NO: 2550, SEQ ID NO: 2707, SEQ ID NO: 2864, và SEQ ID NO: 3021 ; SEQ ID NO: 2237, SEQ ID NO: 2394, SEQ ID NO: 2551, SEQ ID NO: 2708, SEQ ID NO: 2865, và SEQ ID NO: 3022 ; SEQ ID NO: 2238, SEQ ID NO: 2395, SEQ ID NO: 2552, SEQ ID NO: 2709, SEQ ID NO: 2866, và SEQ ID NO: 3023 ; SEQ ID NO: 2239, SEQ ID NO: 2396, SEQ ID NO: 2553, SEQ ID NO: 2710, SEQ ID NO: 2867, và SEQ ID NO: 3024 ; SEQ ID NO: 2240, SEQ ID NO: 2397, SEQ ID NO: 2554, SEQ ID NO: 2711, SEQ ID NO: 2868, và SEQ ID NO:

3025 ; SEQ ID NO: 2241, SEQ ID NO: 2398, SEQ ID NO: 2555, SEQ ID NO: 2712, SEQ ID NO: 2869, và SEQ ID NO: 3026 ; SEQ ID NO: 2242, SEQ ID NO: 2399, SEQ ID NO: 2556, SEQ ID NO: 2713, SEQ ID NO: 2870, và SEQ ID NO: 3027 ; SEQ ID NO: 2243, SEQ ID NO: 2400, SEQ ID NO: 2557, SEQ ID NO: 2714, SEQ ID NO: 2871, và SEQ ID NO: 3028 ; SEQ ID NO: 2244, SEQ ID NO: 2401, SEQ ID NO: 2558, SEQ ID NO: 2715, SEQ ID NO: 2872, và SEQ ID NO: 3029 ; SEQ ID NO: 2245, SEQ ID NO: 2402, SEQ ID NO: 2559, SEQ ID NO: 2716, SEQ ID NO: 2873, và SEQ ID NO: 3030 ; SEQ ID NO: 2246, SEQ ID NO: 2403, SEQ ID NO: 2560, SEQ ID NO: 2717, SEQ ID NO: 2874, và SEQ ID NO: 3031 ; SEQ ID NO: 2247, SEQ ID NO: 2404, SEQ ID NO: 2561, SEQ ID NO: 2718, SEQ ID NO: 2875, và SEQ ID NO: 3032 ; SEQ ID NO: 2248, SEQ ID NO: 2405, SEQ ID NO: 2562, SEQ ID NO: 2719, SEQ ID NO: 2876, và SEQ ID NO: 3033 ; SEQ ID NO: 2249, SEQ ID NO: 2406, SEQ ID NO: 2563, SEQ ID NO: 2720, SEQ ID NO: 2877, và SEQ ID NO: 3034 ; SEQ ID NO: 2250, SEQ ID NO: 2407, SEQ ID NO: 2564, SEQ ID NO: 2721, SEQ ID NO: 2878, và SEQ ID NO: 3035 ; SEQ ID NO: 2251, SEQ ID NO: 2408, SEQ ID NO: 2565, SEQ ID NO: 2722, SEQ ID NO: 2879, và SEQ ID NO: 3036 ; SEQ ID NO: 2252, SEQ ID NO: 2409, SEQ ID NO: 2566, SEQ ID NO: 2723, SEQ ID NO: 2880, và SEQ ID NO: 3037 ; SEQ ID NO: 2253, SEQ ID NO: 2410, SEQ ID NO: 2567, SEQ ID NO: 2724, SEQ ID NO: 2881, và SEQ ID NO: 3038 ; SEQ ID NO: 2254, SEQ ID NO: 2411, SEQ ID NO: 2568, SEQ ID NO: 2725, SEQ ID NO: 2882, và SEQ ID NO: 3039 ; SEQ ID NO: 2255, SEQ ID NO: 2412, SEQ ID NO: 2569, SEQ ID NO: 2726, SEQ ID NO: 2883, và SEQ ID NO: 3040 ; SEQ ID NO: 2256, SEQ ID NO: 2413, SEQ ID NO: 2570, SEQ ID NO: 2727, SEQ ID NO: 2884, và SEQ ID NO: 3041 ; SEQ ID NO: 2257, SEQ ID NO: 2414, SEQ ID NO: 2571, SEQ ID NO: 2728, SEQ ID NO: 2885, và SEQ ID NO: 3042 ; SEQ ID NO: 2258, SEQ ID NO: 2415, SEQ ID NO: 2572, SEQ ID NO: 2729, SEQ ID NO: 2886, và SEQ ID NO: 3043 ; SEQ ID NO: 2259, SEQ ID NO: 2416, SEQ ID NO: 2573, SEQ ID NO: 2730, SEQ ID NO: 2887, và SEQ ID NO: 3044 ; SEQ ID NO: 2260, SEQ ID NO: 2417, SEQ ID NO: 2574, SEQ ID NO: 2731, SEQ ID NO: 2888, và SEQ ID NO: 3045 ; SEQ ID NO: 2261, SEQ ID NO: 2418, SEQ ID NO: 2575, SEQ ID NO: 2732, SEQ ID NO: 2889, và SEQ ID NO: 3046 ; SEQ ID NO: 2262, SEQ ID NO: 2419, SEQ ID NO: 2576, SEQ ID NO: 2733, SEQ ID NO: 2890, và SEQ ID NO: 3047 ; SEQ ID NO: 2263, SEQ ID NO: 2420, SEQ ID NO: 2577, SEQ ID NO: 2734, SEQ ID NO: 2891,

và SEQ ID NO: 3048 ; SEQ ID NO: 2264, SEQ ID NO: 2421, SEQ ID NO: 2578, SEQ ID NO: 2735, SEQ ID NO: 2892, và SEQ ID NO: 3049 ; SEQ ID NO: 2265, SEQ ID NO: 2422, SEQ ID NO: 2579, SEQ ID NO: 2736, SEQ ID NO: 2893, và SEQ ID NO: 3050 ; SEQ ID NO: 2266, SEQ ID NO: 2423, SEQ ID NO: 2580, SEQ ID NO: 2737, SEQ ID NO: 2894, và SEQ ID NO: 3051 ; SEQ ID NO: 2267, SEQ ID NO: 2424, SEQ ID NO: 2581, SEQ ID NO: 2738, SEQ ID NO: 2895, và SEQ ID NO: 3052 ; SEQ ID NO: 2268, SEQ ID NO: 2425, SEQ ID NO: 2582, SEQ ID NO: 2739, SEQ ID NO: 2896, và SEQ ID NO: 3053 ; SEQ ID NO: 2269, SEQ ID NO: 2426, SEQ ID NO: 2583, SEQ ID NO: 2740, SEQ ID NO: 2897, và SEQ ID NO: 3054 ; SEQ ID NO: 2270, SEQ ID NO: 2427, SEQ ID NO: 2584, SEQ ID NO: 2741, SEQ ID NO: 2898, và SEQ ID NO: 3055 ; SEQ ID NO: 2271, SEQ ID NO: 2428, SEQ ID NO: 2585, SEQ ID NO: 2742, SEQ ID NO: 2899, và SEQ ID NO: 3056 ; SEQ ID NO: 2272, SEQ ID NO: 2429, SEQ ID NO: 2586, SEQ ID NO: 2743, SEQ ID NO: 2900, và SEQ ID NO: 3057 ; SEQ ID NO: 2273, SEQ ID NO: 2430, SEQ ID NO: 2587, SEQ ID NO: 2744, SEQ ID NO: 2901, và SEQ ID NO: 3058 ; SEQ ID NO: 2274, SEQ ID NO: 2431, SEQ ID NO: 2588, SEQ ID NO: 2745, SEQ ID NO: 2902, và SEQ ID NO: 3059 ; SEQ ID NO: 2275, SEQ ID NO: 2432, SEQ ID NO: 2589, SEQ ID NO: 2746, SEQ ID NO: 2903, và SEQ ID NO: 3060 ; SEQ ID NO: 2276, SEQ ID NO: 2433, SEQ ID NO: 2590, SEQ ID NO: 2747, SEQ ID NO: 2904, và SEQ ID NO: 3061 ; SEQ ID NO: 2277, SEQ ID NO: 2434, SEQ ID NO: 2591, SEQ ID NO: 2748, SEQ ID NO: 2905, và SEQ ID NO: 3062 ; SEQ ID NO: 2278, SEQ ID NO: 2435, SEQ ID NO: 2592, SEQ ID NO: 2749, SEQ ID NO: 2906, và SEQ ID NO: 3063 ; SEQ ID NO: 2279, SEQ ID NO: 2436, SEQ ID NO: 2593, SEQ ID NO: 2750, SEQ ID NO: 2907, và SEQ ID NO: 3064 ; SEQ ID NO: 2280, SEQ ID NO: 2437, SEQ ID NO: 2594, SEQ ID NO: 2751, SEQ ID NO: 2908, và SEQ ID NO: 3065 ; SEQ ID NO: 2281, SEQ ID NO: 2438, SEQ ID NO: 2595, SEQ ID NO: 2752, SEQ ID NO: 2909, và SEQ ID NO: 3066 ; SEQ ID NO: 2282, SEQ ID NO: 2439, SEQ ID NO: 2596, SEQ ID NO: 2753, SEQ ID NO: 2910, và SEQ ID NO: 3067 ; SEQ ID NO: 2283, SEQ ID NO: 2440, SEQ ID NO: 2597, SEQ ID NO: 2754, SEQ ID NO: 2911, và SEQ ID NO: 3068 ; SEQ ID NO: 2284, SEQ ID NO: 2441, SEQ ID NO: 2598, SEQ ID NO: 2755, SEQ ID NO: 2912, và SEQ ID NO: 3069 ; SEQ ID NO: 2285, SEQ ID NO: 2442, SEQ ID NO: 2599, SEQ ID NO: 2756, SEQ ID NO: 2913, và SEQ ID NO: 3070 ; SEQ ID NO: 2286, SEQ ID NO: 2443, SEQ ID NO: 2600, SEQ ID NO: 2757,

SEQ ID NO: 2914, và SEQ ID NO: 3071 ; SEQ ID NO: 2287, SEQ ID NO: 2444, SEQ ID NO: 2601, SEQ ID NO: 2758, SEQ ID NO: 2915, và SEQ ID NO: 3072 ; SEQ ID NO: 2288, SEQ ID NO: 2445, SEQ ID NO: 2602, SEQ ID NO: 2759, SEQ ID NO: 2916, và SEQ ID NO: 3073 ; SEQ ID NO: 2289, SEQ ID NO: 2446, SEQ ID NO: 2603, SEQ ID NO: 2760, SEQ ID NO: 2917, và SEQ ID NO: 3074 ; SEQ ID NO: 2290, SEQ ID NO: 2447, SEQ ID NO: 2604, SEQ ID NO: 2761, SEQ ID NO: 2918, và SEQ ID NO: 3075 ; SEQ ID NO: 2291, SEQ ID NO: 2448, SEQ ID NO: 2605, SEQ ID NO: 2762, SEQ ID NO: 2919, và SEQ ID NO: 3076 ; SEQ ID NO: 2292, SEQ ID NO: 2449, SEQ ID NO: 2606, SEQ ID NO: 2763, SEQ ID NO: 2920, và SEQ ID NO: 3077 ; SEQ ID NO: 2293, SEQ ID NO: 2450, SEQ ID NO: 2607, SEQ ID NO: 2764, SEQ ID NO: 2921, và SEQ ID NO: 3078 ; SEQ ID NO: 2294, SEQ ID NO: 2451, SEQ ID NO: 2608, SEQ ID NO: 2765, SEQ ID NO: 2922, và SEQ ID NO: 3079 ; SEQ ID NO: 2295, SEQ ID NO: 2452, SEQ ID NO: 2609, SEQ ID NO: 2766, SEQ ID NO: 2923, và SEQ ID NO: 3080 ; SEQ ID NO: 2296, SEQ ID NO: 2453, SEQ ID NO: 2610, SEQ ID NO: 2767, SEQ ID NO: 2924, và SEQ ID NO: 3081 ; SEQ ID NO: 2297, SEQ ID NO: 2454, SEQ ID NO: 2611, SEQ ID NO: 2768, SEQ ID NO: 2925, và SEQ ID NO: 3082 ; SEQ ID NO: 2298, SEQ ID NO: 2455, SEQ ID NO: 2612, SEQ ID NO: 2769, SEQ ID NO: 2926, và SEQ ID NO: 3083 ; SEQ ID NO: 2299, SEQ ID NO: 2456, SEQ ID NO: 2613, SEQ ID NO: 2770, SEQ ID NO: 2927, và SEQ ID NO: 3084 ; SEQ ID NO: 2300, SEQ ID NO: 2457, SEQ ID NO: 2614, SEQ ID NO: 2771, SEQ ID NO: 2928, và SEQ ID NO: 3085 ; SEQ ID NO: 2301, SEQ ID NO: 2458, SEQ ID NO: 2615, SEQ ID NO: 2772, SEQ ID NO: 2929, và SEQ ID NO: 3086 ; SEQ ID NO: 2302, SEQ ID NO: 2459, SEQ ID NO: 2616, SEQ ID NO: 2773, SEQ ID NO: 2930, và SEQ ID NO: 3087 ; SEQ ID NO: 2303, SEQ ID NO: 2460, SEQ ID NO: 2617, SEQ ID NO: 2774, SEQ ID NO: 2931, và SEQ ID NO: 3088 ; SEQ ID NO: 2304, SEQ ID NO: 2461, SEQ ID NO: 2618, SEQ ID NO: 2775, SEQ ID NO: 2932, và SEQ ID NO: 3089 ; SEQ ID NO: 2305, SEQ ID NO: 2462, SEQ ID NO: 2619, SEQ ID NO: 2776, SEQ ID NO: 2933, và SEQ ID NO: 3090 ; SEQ ID NO: 2306, SEQ ID NO: 2463, SEQ ID NO: 2620, SEQ ID NO: 2777, SEQ ID NO: 2934, và SEQ ID NO: 3091 ; SEQ ID NO: 2307, SEQ ID NO: 2464, SEQ ID NO: 2621, SEQ ID NO: 2778, SEQ ID NO: 2935, và SEQ ID NO: 3092 ; SEQ ID NO: 2308, SEQ ID NO: 2465, SEQ ID NO: 2622, SEQ ID NO: 2779, SEQ ID NO: 2936, và SEQ ID NO: 3093 ; SEQ ID NO: 2309, SEQ ID NO: 2466, SEQ ID NO: 2623, SEQ

ID NO: 2780, SEQ ID NO: 2937, và SEQ ID NO: 3094 ; SEQ ID NO: 2310, SEQ ID NO: 2467, SEQ ID NO: 2624, SEQ ID NO: 2781, SEQ ID NO: 2938, và SEQ ID NO: 3095 ; SEQ ID NO: 2311, SEQ ID NO: 2468, SEQ ID NO: 2625, SEQ ID NO: 2782, SEQ ID NO: 2939, và SEQ ID NO: 3096 ; SEQ ID NO: 2312, SEQ ID NO: 2469, SEQ ID NO: 2626, SEQ ID NO: 2783, SEQ ID NO: 2940, và SEQ ID NO: 3097 ; SEQ ID NO: 2313, SEQ ID NO: 2470, SEQ ID NO: 2627, SEQ ID NO: 2784, SEQ ID NO: 2941, và SEQ ID NO: 3098 ; SEQ ID NO: 2314, SEQ ID NO: 2471, SEQ ID NO: 2628, SEQ ID NO: 2785, SEQ ID NO: 2942, và SEQ ID NO: 3099 ; SEQ ID NO: 2315, SEQ ID NO: 2472, SEQ ID NO: 2629, SEQ ID NO: 2786, SEQ ID NO: 2943, và SEQ ID NO: 3100 ; SEQ ID NO: 2316, SEQ ID NO: 2473, SEQ ID NO: 2630, SEQ ID NO: 2787, SEQ ID NO: 2944, và SEQ ID NO: 3101 ; SEQ ID NO: 2317, SEQ ID NO: 2474, SEQ ID NO: 2631, SEQ ID NO: 2788, SEQ ID NO: 2945, và SEQ ID NO: 3102 ; SEQ ID NO: 2318, SEQ ID NO: 2475, SEQ ID NO: 2632, SEQ ID NO: 2789, SEQ ID NO: 2946, và SEQ ID NO: 3103 ; SEQ ID NO: 2319, SEQ ID NO: 2476, SEQ ID NO: 2633, SEQ ID NO: 2790, SEQ ID NO: 2947, và SEQ ID NO: 3104 ; SEQ ID NO: 2320, SEQ ID NO: 2477, SEQ ID NO: 2634, SEQ ID NO: 2791, SEQ ID NO: 2948, và SEQ ID NO: 3105 ; SEQ ID NO: 2321, SEQ ID NO: 2478, SEQ ID NO: 2635, SEQ ID NO: 2792, SEQ ID NO: 2949, và SEQ ID NO: 3106 ; SEQ ID NO: 2322, SEQ ID NO: 2479, SEQ ID NO: 2636, SEQ ID NO: 2793, SEQ ID NO: 2950, và SEQ ID NO: 3107 ; SEQ ID NO: 2323, SEQ ID NO: 2480, SEQ ID NO: 2637, SEQ ID NO: 2794, SEQ ID NO: 2951, và SEQ ID NO: 3108 ; SEQ ID NO: 2324, SEQ ID NO: 2481, SEQ ID NO: 2638, SEQ ID NO: 2795, SEQ ID NO: 2952, và SEQ ID NO: 3109 ; SEQ ID NO: 2325, SEQ ID NO: 2482, SEQ ID NO: 2639, SEQ ID NO: 2796, SEQ ID NO: 2953, và SEQ ID NO: 3110 ; SEQ ID NO: 2326, SEQ ID NO: 2483, SEQ ID NO: 2640, SEQ ID NO: 2797, SEQ ID NO: 2954, và SEQ ID NO: 3111 ; SEQ ID NO: 2327, SEQ ID NO: 2484, SEQ ID NO: 2641, SEQ ID NO: 2798, SEQ ID NO: 2955, và SEQ ID NO: 3112 ; SEQ ID NO: 2328, SEQ ID NO: 2485, SEQ ID NO: 2642, SEQ ID NO: 2799, SEQ ID NO: 2956, và SEQ ID NO: 3113 ; SEQ ID NO: 2329, SEQ ID NO: 2486, SEQ ID NO: 2643, SEQ ID NO: 2800, SEQ ID NO: 2957, và SEQ ID NO: 3114 ; SEQ ID NO: 2330, SEQ ID NO: 2487, SEQ ID NO: 2644, SEQ ID NO: 2801, SEQ ID NO: 2958, và SEQ ID NO: 3115 ; SEQ ID NO: 2331, SEQ ID NO: 2488, SEQ ID NO: 2645, SEQ ID NO: 2802, SEQ ID NO: 2959, và SEQ ID NO: 3116 ; SEQ ID NO: 2332, SEQ ID NO: 2489, SEQ

ID NO: 2646, SEQ ID NO: 2803, SEQ ID NO: 2960, và SEQ ID NO: 3117 ; SEQ ID NO: 2333, SEQ ID NO: 2490, SEQ ID NO: 2647, SEQ ID NO: 2804, SEQ ID NO: 2961, và SEQ ID NO: 3118 ; SEQ ID NO: 2334, SEQ ID NO: 2491, SEQ ID NO: 2648, SEQ ID NO: 2805, SEQ ID NO: 2962, và SEQ ID NO: 3119 ; SEQ ID NO: 2335, SEQ ID NO: 2492, SEQ ID NO: 2649, SEQ ID NO: 2806, SEQ ID NO: 2963, và SEQ ID NO: 3120 ; SEQ ID NO: 2336, SEQ ID NO: 2493, SEQ ID NO: 2650, SEQ ID NO: 2807, SEQ ID NO: 2964, và SEQ ID NO: 3121 ; SEQ ID NO: 2337, SEQ ID NO: 2494, SEQ ID NO: 2651, SEQ ID NO: 2808, SEQ ID NO: 2965, và SEQ ID NO: 3122 ; SEQ ID NO: 2338, SEQ ID NO: 2495, SEQ ID NO: 2652, SEQ ID NO: 2809, SEQ ID NO: 2966, và SEQ ID NO: 3123 ; SEQ ID NO: 2339, SEQ ID NO: 2496, SEQ ID NO: 2653, SEQ ID NO: 2810, SEQ ID NO: 2967, và SEQ ID NO: 3124 ; SEQ ID NO: 2340, SEQ ID NO: 2497, SEQ ID NO: 2654, SEQ ID NO: 2811, SEQ ID NO: 2968, và SEQ ID NO: 3125 ; SEQ ID NO: 2341, SEQ ID NO: 2498, SEQ ID NO: 2655, SEQ ID NO: 2812, SEQ ID NO: 2969, và SEQ ID NO: 3126 ; SEQ ID NO: 2342, SEQ ID NO: 2499, SEQ ID NO: 2656, SEQ ID NO: 2813, SEQ ID NO: 2970, và SEQ ID NO: 3127 ; SEQ ID NO: 2343, SEQ ID NO: 2500, SEQ ID NO: 2657, SEQ ID NO: 2814, SEQ ID NO: 2971, và SEQ ID NO: 3128 ; SEQ ID NO: 2344, SEQ ID NO: 2501, SEQ ID NO: 2658, SEQ ID NO: 2815, SEQ ID NO: 2972, và SEQ ID NO: 3129 ; SEQ ID NO: 2345, SEQ ID NO: 2502, SEQ ID NO: 2659, SEQ ID NO: 2816, SEQ ID NO: 2973, và SEQ ID NO: 3130 ; SEQ ID NO: 2346, SEQ ID NO: 2503, SEQ ID NO: 2660, SEQ ID NO: 2817, SEQ ID NO: 2974, và SEQ ID NO: 3131 ; SEQ ID NO: 2347, SEQ ID NO: 2504, SEQ ID NO: 2661, SEQ ID NO: 2818, SEQ ID NO: 2975, và SEQ ID NO: 3132 ; SEQ ID NO: 2348, SEQ ID NO: 2505, SEQ ID NO: 2662, SEQ ID NO: 2819, SEQ ID NO: 2976, và SEQ ID NO: 3133 ; SEQ ID NO: 2349, SEQ ID NO: 2506, SEQ ID NO: 2663, SEQ ID NO: 2820, SEQ ID NO: 2977, và SEQ ID NO: 3134 ; SEQ ID NO: 2350, SEQ ID NO: 2507, SEQ ID NO: 2664, SEQ ID NO: 2821, SEQ ID NO: 2978, và SEQ ID NO: 3135 ; SEQ ID NO: 2351, SEQ ID NO: 2508, SEQ ID NO: 2665, SEQ ID NO: 2822, SEQ ID NO: 2979, và SEQ ID NO: 3136 ; SEQ ID NO: 2352, SEQ ID NO: 2509, SEQ ID NO: 2666, SEQ ID NO: 2823, SEQ ID NO: 2980, và SEQ ID NO: 3137 ; SEQ ID NO: 2353, SEQ ID NO: 2510, SEQ ID NO: 2667, SEQ ID NO: 2824, SEQ ID NO: 2981, và SEQ ID NO: 3138 ; SEQ ID NO: 2354, SEQ ID NO: 2511, SEQ ID NO: 2668, SEQ ID NO: 2825, SEQ ID NO: 2982, và SEQ ID NO: 3139 ; và SEQ ID NO: 2355, SEQ ID

NO: 2512, SEQ ID NO: 2669, SEQ ID NO: 2826, SEQ ID NO: 2983, và SEQ ID NO: 3140.

Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên bao gồm 1, 2, 3, 4, 5, hoặc 6 dạng biến thể của CDR nêu trong BẢNG 4A và 4B, mỗi dạng có ít nhất 80%, 85%, 90%, 95% , 96%, 97%, 98%, hoặc 99% trình tự đồng nhất với trình tự CDR nêu trong BẢNG 4A và 4B. Một vài protein gắn kết kháng nguyên bao gồm 1, 2, 3, 4, 5, hoặc 6 CDR nêu trong các BẢNG 4A và 4B, mỗi CDR nói chung khác các CDR nêu trong bảng này không quá 1, 2, 3, 4 hoặc 5 axit amin.

Theo các phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên được tạo ra từ các kháng thể này. Ví dụ, theo một khía cạnh, protein gắn kết kháng nguyên chứa 1, 2, 3, 4, 5 hoặc toàn bộ 6 CDR nêu trong một trong số các hàng cho kháng thể cụ thể bất kỳ nêu trong các BẢNG 4A và 4B. Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên bao gồm 1, 2, 3, 4, 5, hoặc 6 dạng biến thể của CDR nêu trong một trong số các hàng cho kháng thể nêu trong các BẢNG 4A và 4B, mỗi CDR có ít nhất 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% trình tự đồng nhất với trình tự CDR nêu trong BẢNG 4A và 4B. Một vài protein gắn kết kháng nguyên chứa 1, 2, 3, 4, 5, hoặc 6 CDR nêu trong một trong số các hàng của các BẢNG 4A và 4B, mỗi CDR khác CDR nêu trong các bảng này không quá 1, 2, 3, 4 hoặc 5 axit amin. Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên chứa toàn bộ 6 CDR nêu trong hàng của các BẢNG 4A và 4B và tổng số axit amin thay đổi so với CDR nói chung không quá 1, 2, 3, 4, hoặc 5 axit amin.

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nhẹ bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 472-628. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nặng bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 472-628. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nhẹ có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 472-628 và chuỗi nặng có trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 472-628. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa một tổ hợp của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng được chọn từ nhóm bao gồm chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 315 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 472; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 316 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 473; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 317 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 474; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 318 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 475; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 319 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 476; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 320 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 477; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 321 và chuỗi nặng là SEQ ID

NO: 478; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 322 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 479; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 323 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 480; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 324 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 481; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 325 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 482; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 326 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 483; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 327 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 484; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 328 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 485; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 329 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 486; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 330 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 487; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 331 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 488; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 332 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 489; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 333 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 490; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 334 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 491; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 335 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 492; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 336 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 493; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 337 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 494; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 338 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 495; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 339 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 496; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 340 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 497; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 341 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 498; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 342 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 499; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 343 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 500; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 344 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 501; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 345 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 502; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 346 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 503; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 347 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 504; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 348 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 505; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 349 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 506; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 350 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 507; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 351 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 508; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 352 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 509; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 353 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 510; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 354 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 511; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 355 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 512; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 356 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 513; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 357 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 514; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 358 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 515; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 359 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 516; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 360 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 517; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 361 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 518; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 362 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 519; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 363 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 520; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 364 và

chuỗi nặng là SEQ ID NO: 521; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 365 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 522; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 366 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 523; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 367 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 524; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 368 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 525; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 369 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 526; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 370 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 527; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 371 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 528; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 372 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 529; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 373 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 530; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 374 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 531; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 375 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 532; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 376 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 533; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 377 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 534; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 378 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 535; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 379 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 536; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 380 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 537; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 381 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 538; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 382 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 539; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 383 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 540; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 384 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 541; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 385 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 542; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 386 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 543; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 387 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 544; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 388 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 545; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 389 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 546; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 390 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 547; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 391 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 548; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 392 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 549; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 393 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 550; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 394 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 551; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 395 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 552; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 396 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 553; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 397 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 554; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 398 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 555; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 399 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 556; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 400 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 557; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 401 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 558; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 402 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 559; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 403 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 560; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 404 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 561; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 405 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 562; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 406 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 563; chuỗi nhẹ là

SEQ ID NO: 407 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 564; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 408 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 565; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 409 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 566; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 410 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 567; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 411 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 568; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 412 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 569; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 413 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 570; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 414 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 571; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 415 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 572; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 416 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 573; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 417 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 574; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 418 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 575; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 419 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 576; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 420 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 577; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 421 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 578; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 422 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 579; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 423 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 580; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 424 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 581; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 425 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 582; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 426 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 583; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 427 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 584; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 428 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 585; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 429 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 586; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 430 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 587; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 431 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 588; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 432 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 589; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 433 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 590; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 434 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 591; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 435 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 592; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 436 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 593; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 437 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 594; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 438 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 595; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 439 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 596; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 440 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 597; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 441 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 598; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 442 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 599; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 443 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 600; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 444 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 601; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 445 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 602; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 446 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 603; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 447 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 604; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 448 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 605; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 449 và chuỗi nặng là SEQ ID

NO: 606; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 450 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 607; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 451 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 608; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 452 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 609; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 453 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 610; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 454 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 611; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 455 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 612; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 456 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 613; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 457 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 614; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 458 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 615; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 459 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 616; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 460 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 617; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 461 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 618; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 462 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 619; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 463 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 620; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 464 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 621; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 465 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 622; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 466 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 623; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 467 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 624; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 468 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 625; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 469 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 626; chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 470 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 627; và chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 471 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 628.

Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1885-2014. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2042-2198. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1885-2014 và chuỗi nặng bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 2042-2198. Theo một phương án kháng thể hoặc đoạn của nó chứa một tổ hợp của vùng biến đổi chuỗi nhẹ và vùng biến đổi chuỗi nặng được chọn từ nhóm bao gồm chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1885 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2042; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1886 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2043; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1887 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2044; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1888 và chuỗi nặng được mã hóa

bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2045; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1889 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2046; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1890 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2047; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1891 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2048; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1892 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2049; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1893 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2050; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1894 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2051; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1895 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2052; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1896 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2053; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1897 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2054; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1898 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2055; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1899 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2056; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1900 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2057; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1901 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2058; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1902 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2059; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1903 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2060; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1904 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2061; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1905 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2062; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1906 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2063; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1907 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2064; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1908 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2065; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1909 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2066; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1910 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2067; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1911 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2068; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1912 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2069; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1913 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2070; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1914 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2071; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1915 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2072; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1916 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2073; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1917 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2074; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1918 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2075; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1919 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2076; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1920 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2077; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1921 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2078; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1922 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2079; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1923 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2080; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1924 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2081; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1925 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2082; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1926 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2083; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1927 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2084; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1928 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2085; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1929 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2086; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1930 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2087; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1931 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2088; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1932 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2089; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1933 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2090; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1934 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2091; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1935 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2092; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1936 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2093; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1937 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2094; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1938 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2095; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1939 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2096; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1940 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2097; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1941 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2098; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1942 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2099; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1943 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2100; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1944 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2101; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1945 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2102; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1946 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2103; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1947 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2104; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1948 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2105; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1949 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2106; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1950 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2107; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1951 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2108; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1952 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2109; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1953 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2110; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1954 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2111; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1955 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2112; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1956 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2113; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1957 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2114; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1958 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2115; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1959 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2116; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1960 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2117; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1961 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2118; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1962 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2119; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1963 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2120; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1964 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2121; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1965 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2122; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1966 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2123; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1967 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2124; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1968 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2125; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1969 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2126; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1970 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2127; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1971 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2128; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1972 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2129; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1973 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2130; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1974 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2131; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1975 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2132; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1976 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2133; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1977 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2134; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1978 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2135; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1979 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2136; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1980 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2137; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1981 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2138; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1982 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2139; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1983 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2140; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1984 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2141; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1985 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2142; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1986 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2143; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1987 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2144; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1988 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2145; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1989 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2146; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1990 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2147; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1991 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2148; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1992 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2149; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1993 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2150; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1994 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2151; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1995 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2152; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1996 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2153; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1997 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2154; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1998 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2155; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 1999 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2156; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2000 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2157; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2001 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2158; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2002 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2159; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2003 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2160; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2004 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2161; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2005 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2162; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2006 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2163; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2007 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2164; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2008 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2165; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2009 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2166; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2010 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2167; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2011 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2168; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2012 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2169; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2013 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2170; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2014 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2171; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2015 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2172; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2016 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2173; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2017 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2174; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2018 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2175; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2019 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2176; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2020 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2177; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2021 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2178; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2022 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2179; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2023 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2180; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2024 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2181; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2025 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2182; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2026 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2183; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2027 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2184; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2028 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2185; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2029 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2186; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2030 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2187; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2031 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2188; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2032 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự

polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2189; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2033 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2190; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2034 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2191; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2035 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2192; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2036 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2193; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2037 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2194; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2038 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2195; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2039 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2196; chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2040 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2197; và chuỗi nhẹ được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2041 và chuỗi nặng được mã hóa bởi trình tự polynucleotit bao gồm SEQ ID NO: 2198.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 123-134 của SEQ ID NO: 3141. Theo một phương án, kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở epitop không liên tục gồm các gốc 29-30 và 123-134 của SEQ ID NO: 3141. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm G29, Q30, T31, A32, G33, E34, L35, Y36, Q37, R38, W39, E40, R43, F65, D66, M67, Y68, V69, W71, P85, Y87, L88, P89, W90, R101, L111, W112, R113, H115, T116, C118, E119, N120, E122, K123, N124, E125, A126, L128, D129, Q130, R131, L132, I133, và L134. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao

gồm G29, Q30, K123, N124, E125, A126, L128, D129, Q130, R131, L132, I133, và L134. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm K123, N124, E125, A126, L128, D129, Q130, R131, L132, I133, và L134. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, hoặc 13 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm G29, Q30, K123, N124, E125, A126, L128, D129, Q130, R131, L132, I133, và L134. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, hoặc 11 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm K123, N124, E125, A126, L128, D129, Q130, R131, L132, I133, và L134.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, A32, G33, E34, L35, Y36, Q37, W39, D66, M67, Y68, Y87, L88, P89, W90, R101, R113, H115, E119, K123, E125, L128, D129, L132, và I133. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, K123, E125, L128, D129, L132, và I133. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm K123, E125, L128, D129, L132, và I133. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, hoặc 8 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, K123, E125, L128, D129, L132, và I133. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom

hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, hoặc 6 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm K123, E125, L128, D129, L132, và I133.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 102-107 của SEQ ID NO: 3141. Theo một phương án, kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở epitop không liên tục gồm các gốc 60-63 và 102-107 của SEQ ID NO: 3141. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, A32, G33, E34, L35, Y36, W39, E40, R43, Q47, A60, C61, N62, G63, S64, F65, D66, M67, Y68, V69, W71, N77, P85, Y87, L88, P89, W90, V99, L100, R101, Q102, C103, G104, S105, D106, G107, Q108, W109, G110, L111, W112, R113, D114, H115, T116, Q117, C118, E119, N120, và P121. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, A60, C61, N62, G63, N77, L100, Q102, C103, G104, S105, D106, G107, W109, và G110. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm A60, C61, N62, G63, Q102, C103, G104, S105, D106, và G107. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, hoặc 15 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, A60, C61, N62, G63, N77, L100, Q102, C103, G104, S105, D106, G107, W109, và G110. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm A60, C61, N62, G63, Q102, C103, G104, S105, D106, và G107.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm T31, A32,

L35, Y36, W39, N62, S64, F65, D66, M67, Y68, W71, Y87, L88, P89, W90, R101, G104, S105, D106, Q108, W109, G110, L111, W112, R113, D114, H115, T116, và E119. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm T31, N62, S64, W71, R101, G104, S105, D106, Q108, W109, G110, L111, W112, D114, và T116. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm R101, G104, S105, D106, Q108, W109, G110, L111, W112, D114, và T116. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, hoặc 15 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm T31, N62, S64, W71, R101, G104, S105, D106, Q108, W109, G110, L111, W112, D114, và T116. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, hoặc 11 gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm R101, G104, S105, D106, Q108, W109, G110, L111, W112, D114, và T116.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm A32, G33, E34, L35, Y36, Q37, R38, W39, E40, R43, F65, D66, M67, Y68, P85, Y87, L88, P89, W90, L111, W112, R113, D114, H115, C118, E119, N120, và P121. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm A32, G33, E34, L35, Y36, Q37, W39, E40, R43, D66, M67, Y87, L88, P89, W90, L111, W112, H115, E119, và N120. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm E34, L111, W112, và N120.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 102-107 của SEQ ID NO: 3141. Theo một phương án, kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR trong epitop không liên tục gồm các gốc 60-63 và 102-107 của SEQ ID NO: 3141. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, A32, G33, E34, L35, Y36, Q37, R38, W39, E40, R43, F65, D66, M67, Y68, V69, W71, P85, Y87, L88, P89, W90, V99, R101, L111, R113, D114, H115, T116, C118, E119, và N120. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ Q30 của GIPR (SEQ ID NO: 3141).

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30, T31, A32, G33, L35, Y36, Q37, W39, E40, R43, D66, M67, Y68, Y87, L88, P89, W90, R113, H115, và E119. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của GIPR (SEQ ID NO: 3141) được chọn từ nhóm bao gồm Q30 và T31. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì kháng thể hoặc đoạn của nó khi gắn kết với GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ cả Q30 và T31 của GIPR (SEQ ID NO: 3141).

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể gắn kết với GIPR và làm giảm khả năng GIPR gắn kết với GIP.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 28-108 của SEQ ID NO: 231 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, F29, S30, N31, Y32, G33, A50, I51, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, A61, D62, V64, K65, G66, R67, F68, T69, I70, S71, R72, D73, N74, S75, Q82, N84, S85, R98, D99, Q100, A101, I102,

F103, G104, V105, V106, và D108 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 44 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, F29, S30, N31, Y32, G33, A50, I51, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, A61, D62, V64, K65, G66, R67, F68, T69, I70, S71, R72, D73, N74, S75, Q82, N84, S85, R98, D99, Q100, A101, I102, F103, G104, V105, V106, và D108 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N31, Y32, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, K65, G66, R67, T69, I70, S71, N84, Q100, A101, I102, F103, và V105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 , 21, 22, 23, hoặc 24 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N31, Y32, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, K65, G66, R67, T69, I70, S71, N84, Q100, A101, I102, F103, và V105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 29-96 của SEQ ID NO: 74 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm V29, S30, S31, N32, L33, L46, Y49, G50, T53, Q90, Y91, N92, N93, W94, P95, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, hoặc 16 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm V29, S30, S31, N32, L33, L46, Y49, G50, T53, Q90, Y91, N92, N93, W94, P95, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N32, Y49, Y91, N92, N93, W94, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, hoặc 8 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N32, Y49, Y91, N92, N93, W94, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 28-108 của SEQ ID NO: 231 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó và ở vị trí tương ứng với các gốc 29-96 của SEQ ID NO: 74 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, F29, S30, N31, Y32, G33, A50, I51, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, A61, D62, V64, K65, G66, R67, F68, T69, I70, S71, R72, D73, N74, S75, Q82, N84, S85, R98, D99, Q100, A101, I102, F103, G104, V105, V106, và D108 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231; và 8 angstroms hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm V29, S30, S31, N32, L33, L46, Y49, G50, T53, Q90, Y91, N92, N93, W94, P95, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 44 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, F29, S30, N31, Y32, G33, A50, I51, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, A61, D62, V64, K65, G66, R67, F68, T69, I70, S71, R72, D73, N74, S75, Q82, N84, S85, R98, D99, Q100, A101, I102, F103, G104, V105, V106, và D108 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231; và 8 angstroms hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, hoặc 16 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm V29, S30,

S31, N32, L33, L46, Y49, G50, T53, Q90, Y91, N92, N93, W94, P95, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N31, Y32, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, K65, G66, R67, T69, I70, S71, N84, Q100, A101, I102, F103, và V105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N32, Y49, Y91, N92, N93, W94, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 , 21, 22, 23, hoặc 24 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N31, Y32, W52, F53, D54, A55, S56, D57, K58, Y59, Y60, K65, G66, R67, T69, I70, S71, N84, Q100, A101, I102, F103, và V105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 231; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, hoặc 8 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, N32, Y49, Y91, N92, N93, W94, và L96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 74.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 1-118 của SEQ ID NO: 294 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q1, M2, S25, G26, Y27, T28, F29, T30, G31, Y32, N54, R98, G99, G100, D101, Y102, V103, F104, G105, T106, Y107, R108, P109, H110, Y111, Y112, Y113, G114, M115, D116, V117, và W118 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 32 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q1, M2, S25, G26, Y27, T28, F29, T30, G31, Y32, N54, R98, G99, G100, D101, Y102, V103, F104, G105, T106, Y107, R108, P109, H110, Y111,

Y112, Y113, G114, M115, D116, V117, và W118 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm M2, G26, Y27, T28, Y32, R98, G100, D101, Y102, F104, G105, Y107, H110, Y111, Y112, Y113, và D116 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, hoặc 17 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm M2, G26, Y27, T28, Y32, R98, G100, D101, Y102, F104, G105, Y107, H110, Y111, Y112, Y113, và D116 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 32-63 của SEQ ID NO: 137 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q32, T33, N35, Y37, K46, L47, L48, I49, Y50, T51, N53, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, P60, D61, R62, và F63 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, hoặc 21 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q32, T33, N35, Y37, K46, L47, L48, I49, Y50, T51, N53, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, P60, D61, R62, và F63 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm L47, Y50, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, hoặc D61 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, hoặc 9 gốc của chuỗi nhẹ của kháng

thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm L47, Y50, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, hoặc D61 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 1-118 của SEQ ID NO: 294 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó và ở vị trí tương ứng với các gốc 32-63 của SEQ ID NO: 137 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q1, M2, S25, G26, Y27, T28, F29, T30, G31, Y32, N54, R98, G99, G100, D101, Y102, V103, F104, G105, T106, Y107, R108, P109, H110, Y111, Y112, Y113, G114, M115, D116, V117, và W118 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q32, T33, N35, Y37, K46, L47, L48, I49, Y50, T51, N53, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, P60, D61, R62, và F63 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 32 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q1, M2, S25, G26, Y27, T28, F29, T30, G31, Y32, N54, R98, G99, G100, D101, Y102, V103, F104, G105, T106, Y107, R108, P109, H110, Y111, Y112, Y113, G114, M115, D116, V117, và W118 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, hoặc 21 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q32, T33, N35, Y37, K46, L47, L48, I49, Y50, T51, N53, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, P60, D61, R62, và F63 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm M2, G26, Y27, T28, Y32, R98, G100, D101, Y102, F104, G105, Y107, H110, Y111, Y112, Y113, và D116 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm L47, Y50,

Q54, R55, P56, S57, G58, V59, hoặc D61 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, hoặc 17 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm M2, G26, Y27, T28, Y32, R98, G100, D101, Y102, F104, G105, Y107, H110, Y111, Y112, Y113, và D116 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 294; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, hoặc 9 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm L47, Y50, Q54, R55, P56, S57, G58, V59, hoặc D61 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 137.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 26-110 của SEQ ID NO: 208 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm G26, F27, T28, F29, S30, Y31, F32, W52, Y53, D54, S56, N57, Y59, N74, N77, R98, D99, G100, T101, I102, F103, G104, V105, L106, L107, D109, và Y110 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 27 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm G26, F27, T28, F29, S30, Y31, F32, W52, Y53, D54, S56, N57, Y59, N74, N77, R98, D99, G100, T101, I102, F103, G104, V105, L106, L107, D109, và Y110 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, Y31, F32, W52, Y53, R98, G100, T101, I102, F103, G104, V105, và L106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, hoặc 12 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ

nhóm bao gồm T28, Y31, F32, W52, Y53, R98, G100, T101, I102, F103, G104, V105, và L106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 29-96 của SEQ ID NO: 51 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I29, R30, D31, Y32, L33, L46, I48, Y49, G50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, Q90, H91, N92, N93, Y94, và F96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, hoặc 21 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I29, R30, D31, Y32, L33, L46, I48, Y49, G50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, Q90, H91, N92, N93, Y94, và F96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Y32, Y49, G50, S53, Q55, H91, N92, N93, và Y94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, hoặc 9 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Y32, Y49, G50, S53, Q55, H91, N92, N93, và Y94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 26-110 của SEQ ID NO: 208 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó và ở vị trí tương ứng với các gốc 29-96 của SEQ ID NO: 51 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm G26, F27, T28, F29, S30, Y31, F32, W52, Y53, D54, S56, N57, Y59, N74, N77, R98, D99, G100, T101, I102, F103, G104, V105, L106, L107, D109, và Y110 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự

SEQ ID NO: 208; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I29, R30, D31, Y32, L33, L46, I48, Y49, G50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, Q90, H91, N92, N93, Y94, và F96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 27 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm G26, F27, T28, F29, S30, Y31, F32, W52, Y53, D54, S56, N57, Y59, N74, N77, R98, D99, G100, T101, I102, F103, G104, V105, L106, L107, D109, và Y110 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, hoặc 21 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I29, R30, D31, Y32, L33, L46, I48, Y49, G50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, Q90, H91, N92, N93, Y94, và F96 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, Y31, F32, W52, Y53, R98, G100, T101, I102, F103, G104, V105, và L106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Y32, Y49, G50, S53, Q55, H91, N92, N93, và Y94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, hoặc 12 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm T28, Y31, F32, W52, Y53, R98, G100, T101, I102, F103, G104, V105, và L106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 208; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, hoặc 9 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Y32, Y49, G50, S53, Q55, H91, N92, N93, và Y94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 51.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 30-106 của SEQ ID NO: 171 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y33, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, G103, F104, D105, và Y106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, hoặc 15 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y33, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, G103, F104, D105, và Y106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, và D105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, hoặc 11 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, và D105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 27-94 của SEQ ID NO: 14 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q27, G28, L29, I30, I31, W32, A34, L46, L47, I48, Y49, A50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, G57, S65, G66, S67, G68, F71, Q90, T91, N92, S93, và F94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 29 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q27, G28, L29, I30, I31, W32, A34, L46, L47, I48, Y49, A50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, G57, S65, G66, S67, G68, F71, Q90, T91, N92, S93, và F94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I30, I31, W32, L46, Y49, S52, S53, L54, Q55, S56, S67, T91, và N92 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, hoặc 13 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I30, I31, W32, L46, Y49, S52, S53, L54, Q55, S56, S67, T91, và N92 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14.

Theo một vài khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR, trong đó kháng thể hoặc đoạn của nó gắn kết với GIPR ở vị trí tương ứng với các gốc 30-106 của SEQ ID NO: 171 của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó và tương ứng với gốc 27-94 của SEQ ID NO: 14 của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y33, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, G103, F104, D105, và Y106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q27, G28, L29, I30, I31, W32, A34, L46, L47, I48, Y49, A50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, G57, S65, G66, S67, G68, F71, Q90, T91, N92, S93, và F94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, hoặc 15 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y33, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, G103, F104, D105, và Y106 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171; và 8 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 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, hoặc 29 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm Q27, G28, L29, I30, I31, W32, A34, L46, L47, I48, Y49, A50, A51, S52, S53, L54, Q55, S56, G57, S65, G66, S67, G68, F71, Q90, T91, N92, S93, và F94 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14.

Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, và D105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất một gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I30, I31, W32, L46, Y49, S52, S53, L54, Q55, S56, S67, T91, và N92 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14. Theo một vài phương án, nếu kháng thể hoặc đoạn của nó được gắn kết với GIPR, thì GIPR được định vị 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, hoặc 11 gốc của chuỗi nặng của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm S30, S31, Y32, Y52, R97, D98, V99, A100, V101, A102, và D105 tương ứng với chuỗi nặng có trình tự SEQ ID NO: 171; và 5 angstrom hoặc ít hơn từ ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, hoặc 13 gốc của chuỗi nhẹ của kháng thể hoặc đoạn của nó được chọn từ nhóm bao gồm I30, I31, W32, L46, Y49, S52, S53, L54, Q55, S56, S67, T91, và N92 tương ứng với chuỗi nhẹ có trình tự SEQ ID NO: 14.

Theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên chứa một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ như nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 5. Một vài protein gắn kết kháng nguyên được đề cập chứa một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ như nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 5, ngoại trừ là một hoặc cả hai chuỗi khác trình tự nêu trong bảng chỉ ở 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 hoặc 15 gốc axit amin, trong đó mỗi điểm khác biệt trình tự như vậy độc lập là mất, thêm hoặc thay thế một axit amin, và mất, thêm và/hoặc thay thế nhiều axit amin không làm thay đổi quá 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 hoặc 15 axit amin so với các trình tự có chiều dài đầy đủ nêu trong BẢNG 5. Theo một phương án protein gắn kết kháng nguyên chứa một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và/hoặc một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ thu được từ Bảng 5 với methionin ở đầu N bị loại bỏ. Theo một phương án protein gắn kết kháng nguyên chứa một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và/hoặc một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ thu được từ Bảng 5 với lysin ở đầu C bị boại bỏ. Các protein gắn kết kháng nguyên khác cũng chứa một chuỗi nhẹ có chiều dài đầy đủ và một chuỗi nặng có chiều dài đầy đủ như nêu trong một trong số các hàng cho một trong số các kháng thể nêu trong BẢNG 5, ngoại trừ là một hoặc cả hai chuỗi này

khác trình tự nêu trong bảng ở chỗ chuỗi nhẹ và/hoặc chuỗi nặng bao gồm hoặc chứa trình tự axit amin có ít nhất 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% trình tự đồng nhất với các trình tự axit amin của các trình tự chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng nêu trong BẢNG 5.

Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên chỉ bao gồm một polypeptit chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng như nêu trong BẢNG 5.

Theo một khía cạnh khác, các protein gắn kết kháng nguyên chứa các CDR, các vùng gấp biến đổi và/hoặc các trình tự có chiều dài đầy đủ nêu trong BẢNG 3, 4A, 4B, và 5 là kháng thể đơn dòng, kháng thể khảm, kháng thể được làm tương thích với người, kháng thể của người, kháng thể đa đặc hiệu, hoặc đoạn kháng thể nêu trên. Theo một phương án khác, đoạn kháng thể của các protein gắn kết kháng nguyên phân lập được đề cập ở đây là đoạn Fab, đoạn Fab', đoạn $F(ab')_2$, đoạn Fv, dime của một đoạn globulin miễn dịch, hoặc scFv dựa vào kháng thể có trình tự nêu trong BẢNG 5.

Cũng theo một khía cạnh khác, protein gắn kết kháng nguyên phân lập nêu trong BẢNG 5 có thể được liên kết với nhóm đánh dấu và có thể cạnh tranh với protein gắn kết kháng nguyên của một trong số các protein gắn kết kháng nguyên phân lập được đề cập ở đây để gắn kết với GIPR.

Theo một phương án khác, protein gắn kết kháng nguyên được đề cập mà cạnh tranh với một trong số các kháng thể hoặc các đoạn chức năng được lấy làm ví dụ được mô tả trên đây để gắn kết đặc hiệu với GIPR của người (ví dụ, SEQ ID NO: 3141). Các protein gắn kết kháng nguyên này có thể gắn kết với epitop giống epitop của các protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây, hoặc với epitop chồng lợp. Protein gắn kết kháng nguyên và các đoạn mà cạnh tranh với các protein gắn kết kháng nguyên được lấy làm ví dụ được cho là có các đặc tính chức năng tương tự. Các protein gắn kết kháng nguyên và các đoạn được lấy làm ví dụ bao gồm các protein gắn kết kháng nguyên và các đoạn được nêu trên, kể cả các protein gắn kết kháng nguyên và các đoạn có các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, các vùng gấp trên vùng biến đổi và các CDR được bao gồm trong các BẢNG 3, 4A, 4B, và 5. Do đó, theo một ví dụ cụ thể, protein gắn kết kháng nguyên được đề cập bao gồm các protein gắn kết kháng nguyên cạnh tranh với kháng thể có:

toàn bộ 6 CDR được liệt kê cho kháng thể bất kỳ nêu trong các BẢNG 4A và 4B;

VH và VL được liệt kê cho kháng thể bất kỳ nêu trong BẢNG 3; hoặc

hai chuỗi nhẹ và hai chuỗi nặng như được đề cập cho kháng thể bất kỳ nêu trong BẢNG 5.

Protein gắn kết kháng nguyên được đề cập bao gồm các kháng thể đơn dòng gắn kết với GIPR. Các kháng thể đơn dòng có thể được sản xuất bằng kỹ thuật bất kỳ đã biết trong lĩnh vực này, ví dụ, bằng cách làm bất tử các tế bào lách thu được từ động vật chuyển gen sau khi kết thúc quá trình gây miễn dịch. Các tế bào lách có thể được làm bất tử bằng cách sử dụng kỹ thuật bất kỳ đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này, ví dụ, bằng cách dung hợp các tế bào này với các tế bào u tủy để tạo ra tế bào lai. Các tế bào u tủy để dùng trong các quy trình dung hợp tổng hợp tế bào lai tốt hơn là không tổng hợp kháng thể, có hiệu quả dung hợp cao, và bị thiếu hụt enzym để làm cho chúng không có khả năng phát triển trong môi trường chọn lọc nhất định mà chỉ hỗ trợ sự phát triển của các tế bào được dung hợp mong muốn (tế bào lai). Ví dụ về các dòng tế bào thích hợp cho các thể dung hợp ở chuột nhắt bao gồm Sp-20, P3-X63/Ag8, P3-X63-Ag8.653, NS1/1.Ag 4 1, Sp210-Ag14, FO, NSO/U, MPC-11, MPC11-X45-GTG 1.7 và S194/5XXO Bul; ví dụ về các dòng tế bào được sử dụng cho các thể dung hợp ở chuột cống bao gồm R210.RCY3, Y3-Ag 1.2.3, IR983F và 4B210. Các dòng tế bào khác hữu dụng cho các thể dung hợp tế bào là U-266, GM1500-GRG2, LICR-LON-HMy2 và UC729-6.

Trong một vài trường hợp, dòng tế bào lai được tạo ra bằng cách gây miễn dịch động vật (ví dụ, động vật chuyển gen có các trình tự globulin miễn dịch của người) bằng chất gây miễn dịch GIPR; thu hoạch các tế bào lách từ động vật đã gây miễn dịch, dung hợp các tế bào lách thu hoạch được với dòng tế bào u tủy, nhờ đó tạo ra các tế bào lai; thiết lập các dòng tế bào lai từ các tế bào lai, và xác định dòng tế bào lai tổng hợp kháng thể gắn kết với polypeptit GIPR. Các dòng tế bào lai như vậy, và các kháng thể đơn dòng kháng GIPR được sản xuất bởi các dòng tế bào này, là các khía cạnh của sáng chế.

Các kháng thể đơn dòng do dòng tế bào lai tiết ra có thể được tinh chế bằng cách sử dụng kỹ thuật bất kỳ đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. Các tế bào lai hoặc các kháng thể đơn dòng có thể được sàng lọc tiếp để xác định các kháng thể đơn dòng có các đặc tính cụ thể, như khả năng làm tăng hoạt tính GIPR.

Các kháng thể khảm và kháng thể được làm tương thích với người dựa trên các trình tự nêu trên cũng được đề cập. Các kháng thể đơn dòng dùng làm các chất điều trị có thể được cải biến theo nhiều cách khác nhau trước khi sử dụng. Một ví dụ về kháng thể là kháng thể khảm, là kháng thể gồm các đoạn protein có nguồn gốc từ các kháng thể khác

nhau được liên kết cộng hóa trị để tạo ra các chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng của globulin miễn dịch có chức năng hoặc các phần có chức năng miễn dịch của chúng. Nói chung, một phần chuỗi nặng và/hoặc chuỗi nhẹ là giống hoặc tương đồng với trình tự tương ứng trong các kháng thể thu được từ các loài cụ thể hoặc thuộc một lớp hoặc phân lớp kháng thể cụ thể, trong khi đó phần còn lại của (các) chuỗi là giống hoặc tương đồng với trình tự tương ứng trong các kháng thể thu được từ các loài khác hoặc thuộc lớp hoặc phân lớp kháng thể khác. Đối với các phương pháp có liên quan đến các kháng thể khảm, xem, ví dụ, patent Mỹ số 4,816,567; và tài liệu Morrison *et al.*, 1985, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 81:6851-6855, mà được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Phương pháp ghép CDR được mô tả, ví dụ, trong patent Mỹ số 6,180,370, số 5,693,762, số 5,693,761, số 5,585,089, và số 5,530,101.

Nói chung, mục đích của việc tạo ra kháng thể khảm là nhằm tạo ra một thể khảm trong đó số axit amin có nguồn gốc từ loại bệnh nhân dự định được làm tối đa. Một ví dụ về kháng thể khảm là kháng thể "được ghép CDR", trong đó kháng thể này chứa một hoặc nhiều vùng quyết định bổ trợ (complementarity determining region-CDR) từ một loài cụ thể hoặc thuộc một lớp hoặc phân lớp kháng thể cụ thể, trong khi đó phần còn lại của (các) chuỗi kháng thể là giống với hoặc tương đồng với trình tự tương ứng trong các kháng thể thu được từ loài khác hoặc thuộc một lớp hoặc phân lớp kháng thể khác. Để sử dụng ở người, vùng biến đổi hoặc các CDR được chọn từ kháng thể của loài gặm nhấm thường được ghép vào kháng thể của người, thay thế các vùng biến đổi có nguồn gốc trong tự nhiên hoặc các CDR của kháng thể người.

Một loại kháng thể khảm hữu dụng là kháng thể "được làm tương thích với người". Nói chung, kháng thể được làm tương thích với người được tổng hợp từ một kháng thể đơn dòng được tạo ra ban đầu ở động vật không phải người. Các gốc axit amin nhất định trong kháng thể đơn dòng này, thường có nguồn gốc từ các phần không nhận diện kháng nguyên của kháng thể, được cải biến để tương đồng với gốc tương ứng trong kháng thể của người thuộc isotyp tương ứng. Quá trình làm tương thích với người có thể được thực hiện, ví dụ, bằng các phương pháp khác nhau nhờ thay thế ít nhất một phần của vùng biến đổi của loài gặm nhấm cho các vùng tương ứng của kháng thể của người (xem, *ví dụ,* Patent Mỹ số 5,585,089, và số 5,693,762; Jones *et al.*, 1986, *Nature* 321:522-525; Riechmann *et al.*, 1988, *Nature* 332:323-27; Verhoeyen *et al.*, 1988, *Science* 239:1534-1536).

Theo một khía cạnh, các CDR của các vùng biến đổi của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của các kháng thể được đề cập ở đây được ghép vào các vùng khung (framework region-FR) thu được từ các kháng thể của cùng một loài hoặc từ loài phái sinh khác. Ví dụ, các CDR của các vùng biến đổi chuỗi nặng và chuỗi nhẹ V_H1, V_H2, V_H3, V_H4, V_H5, V_H6, V_H7, V_H8, V_H9, V_H10, V_H11, V_H12 và/hoặc V_L1, và V_L2 có thể được ghép vào các FR của người liên ứng. Để tạo ra các FR của người liên ứng, các FR từ một vài trình tự axit amin của chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng của người có thể được sắp thẳng hàng để xác định trình tự axit amin liên ứng. Theo các phương án khác, các FR của chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ được mô tả ở đây được thay thế bằng các FR từ một chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ khác. Theo một khía cạnh, axit amin hiếm trong các FR của các chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của các kháng thể kháng GIPR không được thay thế, trong khi đó phần axit amin còn lại trong FR được thay thế. "Axit amin hiếm" là một axit amin đặc biệt mà nằm ở vị trí trong đó axit amin đặc biệt này thường không được tìm thấy trong FR. Theo cách khác, các vùng biến đổi được ghép từ một chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ có thể được sử dụng với vùng cố định mà khác vùng cố định của chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ cụ thể đó như được mô tả ở đây. Theo các phương án khác, các vùng biến đổi đã ghép là một phần của kháng thể Fv chuỗi đơn.

Theo các phương án nhất định, các vùng cố định từ các loài không phải người có thể được sử dụng cùng với (các) vùng biến đổi của người để tạo ra các kháng thể lai.

Các kháng thể kháng GIPR của người đầy đủ cũng được đề cập. Các phương pháp để tổng hợp các kháng thể của người đầy đủ đặc hiệu với một kháng nguyên nhất định mà không cần loài người tiếp xúc với kháng nguyên ("kháng thể của người đầy đủ") có thể được sử dụng. Một phương pháp cụ thể được đề cập để thực hiện việc tổng hợp kháng thể người đầy đủ là "làm tương thích với người" hệ thống miễn dịch dịch thể của chuột nhắt. Việc đưa các locus globulin miễn dịch (Ig) của người vào chuột nhắt trong đó các gen Ig nội sinh được làm bất hoạt là một phương pháp tổng hợp các kháng thể đơn dòng của người đầy đủ (mAb) ở chuột nhắt, một loại động vật có thể được gây miễn dịch bằng kháng nguyên mong muốn bất kỳ. Việc sử dụng các kháng thể của người đầy đủ có thể làm giảm đến mức tối thiểu các đáp ứng miễn dịch và dị ứng mà đôi khi có thể gặp khi cho người sử dụng các mAb của chuột nhắt hoặc thu được từ chuột nhắt làm các chất điều trị.

Các kháng thể của người đầy đủ có thể được tạo ra bằng cách gây miễn dịch các động vật chuyển gen (thường là chuột nhắt) mà có khả năng tạo ra một kho các kháng thể người khi không có quá trình tổng hợp globulin miễn dịch nội sinh. Các kháng nguyên dùng cho mục đích này thường có sáu hoặc nhiều hơn sáu axit amin liên tiếp, và tùy ý được tiếp hợp với một chất mang, như hapten. Xem tài liệu, *ví dụ,* Jakobovits *et al.*, 1993, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90:2551-2555; Jakobovits *et al.*, 1993, *Nature* 362:255-258; và Bruggermann *et al.*, 1993, *Year in Immunol.* 7:33. Theo một ví dụ về phương pháp này, các động vật chuyển gen được tạo ra bằng cách làm bất hoạt các locus globulin miễn dịch nội sinh của chuột nhắt mã hóa các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của globulin miễn dịch của chuột nhắt trong đó, và cài vào bộ gen của chuột nhắt các đoạn lớn của ADN bộ gen của người chứa các locus mà mã hóa các protein chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của người. Các con được cải biến một phần, mà không có đủ phần bổ sung đầy đủ của locus globulin miễn dịch của người, sau đó được lai chéo để tạo ra một con có tất cả các cải biến mong muốn của hệ miễn dịch. Nếu được sử dụng một chất gây miễn dịch, các động vật chuyển gen tổng hợp kháng thể mà đặc hiệu miễn dịch với chất gây miễn dịch nhưng có các trình tự axit amin của người chứ không phải của chuột nhắt, kể cả các vùng biến đổi. Để biết thêm thông tin chi tiết hơn về các phương pháp này, xem tài liệu, ví dụ, công bố đơn quốc tế số WO96/33735 và WO94/02602. Các phương pháp khác có liên quan đến chuột chuyển gen để tạo ra các kháng thể của người được mô tả trong Patent Mỹ số 5,545,807; số 6,713,610; số 6,673,986; số 6,162,963; số 5,545,807; số 6,300,129; số 6,255,458; số 5,877,397; số 5,874,299 và số 5,545,806; trong các công bố đơn PCT số WO91/10741, WO90/04036, và trong patent châu Âu số EP 546073B1 và đơn yêu cầu cấp patent châu Âu số EP 546073A1.

Chuột nhắt biến đổi gen được mô tả trên đây, ở đây được gọi là chuột "HuMab", chứa tiểu locus gen globulin miễn dịch của người mà mã hóa các trình tự globulin miễn dịch chuỗi nhẹ và chuỗi nặng ([mu] và [gamma]) và [kappa] của người không được sắp xếp lại, cùng với các đột biến đích mà làm bất hoạt các locus chuỗi [mu] và [kappa] nội sinh (Lonberg *et al.*, 1994, *Nature* 368:856-859). Do đó, chuột nhắt có biểu hiện IgM hoặc [kappa] của chuột nhắt và đáp ứng với sự miễn dịch giảm, và các gen chuyển của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của người được đưa vào trải qua quá trình chuyển đổi lớp và đột biến soma để tạo ra các kháng thể đơn dòng IgG [kappa] của người có ái lực cao (Lonberg *et al.*, *trên đây.*; Lonberg và Huszar, 1995, *Intern. Rev. Immunol.* 13: 65-93;

Harding và Lonberg, 1995, *Ann. N.Y Acad. Sci.* 764:536-546). Quá trình tạo ra chuột nhắt HuMab được mô tả chi tiết trong tài liệu Taylor *et al.*, 1992, *nucleic acids Research* 20:6287-6295; Chen *et al.*, 1993, *International Immunology* 5:647-656; Tuaillon *et al.*, 1994, *J. Immunol.* 152:2912-2920; Lonberg *et al.*, 1994, *Nature* 368:856-859; Lonberg, 1994, *Handbook of Exp. Pharmacology* 113:49-101; Taylor *et al.*, 1994, *International Immunology* 6:579-591; Lonberg và Huszar, 1995, *Intern. Rev. Immunol.* 13:65-93; Harding và Lonberg, 1995, *Ann. N.Y Acad. Sci.* 764:536-546; Fishwild *et al.*, 1996, *Nature Biotechnology* 14:845-851; các tài liệu tham khảo nêu trên được đưa vào đây bằng cách viện dẫn cho tất cả các mục đích. Xem, patent Mỹ số 5,545,806; số 5,569,825; số 5,625,126; số 5,633,425; số 5,789,650; số 5,877,397; số 5,661,016; số 5,814,318; số 5,874,299; và số 5,770,429; cũng như là Patent Mỹ số 5,545,807; các công bố đơn quốc tế số WO 93/1227; WO 92/22646; và WO 92/03918, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn cho tất cả các mục đích. Các công nghệ được sử dụng để tổng hợp kháng thể của người ở chuột nhắt chuyển gen này cũng được mô tả trong công bố đơn quốc tế số WO 98/24893, và tài liệu Mendez *et al.*, 1997, *Nature Genetics* 15:146-156, mà được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Ví dụ, các chủng chuột nhắt chuyển gen HCo7 và HCo12 có thể được sử dụng để tạo ra các kháng thể đơn dòng của người kháng GIPR. Chi tiết hơn về quy trình tổng hợp các kháng thể của người sử dụng chuột chuyển gen được mô tả dưới đây.

Sử dụng công nghệ tế bào lai, các kháng thể đơn dòng của người đặc hiệu kháng nguyên với tính đặc hiệu mong muốn có thể được tổng hợp và được chọn lọc từ chuột nhắt chuyển gen như các chuột nhắt chuyển gen được mô tả trên đây. Các kháng thể như vậy có thể được tách dòng và được biểu hiện bằng cách sử dụng vectơ và tế bào chủ thích hợp, hoặc các kháng thể có thể được thu hoạch từ các tế bào lai nuôi cấy.

Các kháng thể của người đầy đủ cũng có thể được tạo ra từ các thư viện biểu hiện thể thực khuẩn (như được mô tả trong tài liệu Hoogenboom *et al.*, 1991, *J. Mol. Biol.* 227:381; và Marks *et al.*, 1991, *J. Mol. Biol.* 222:581). Các kỹ thuật biểu hiện trên thể thực khuẩn tương tự với việc chọn lọc miễn dịch thông qua việc biểu hiện các kho kháng thể trên bề mặt của thể thực khuẩn dạng sợi, và sau đó chọn lọc thể thực khuẩn gắn kết với kháng nguyên được chọn. Một kỹ thuật như vậy được mô tả trong công bố đơn PCT số WO 99/10494 (được đưa vào đây bằng cách viện dẫn).

Protein gắn kết với GIPR cũng có thể là một biến thể, dạng bắt chước, dẫn xuất hoặc oligome dựa vào cấu trúc của protein gắn kết kháng nguyên GIPR có các CDR, các vùng biến đổi và/hoặc các chuỗi có chiều dài đầy đủ như được mô tả trên đây.

Theo một phương án, ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên là một dạng biến thể của các protein gắn kết kháng nguyên được mô tả trên đây. Ví dụ, một vài protein gắn kết kháng nguyên có một hoặc nhiều thay thế axit amin bảo toàn trong một hoặc nhiều chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ, các vùng biến đổi hoặc các CDR.

Axit amin có nguồn gốc trong tự nhiên có thể được chia thành các nhóm dựa vào các đặc tính chuỗi bên chung:

1) kỵ nước: norleuxin, Met, Ala, Val, Leu, Ile;

2) ưa nước trung tính: Cys, Ser, Thr, Asn, Gln;

3) axit: Asp, Glu;

4) bazơ: His, Lys, Arg;

5) gốc mà tác động đến hướng chuỗi: Gly, Pro; và

6) thơm: Trp, Tyr, Phe.

Các thay thế axit amin bảo toàn có thể có liên quan đến sự trao đổi một thành viên của một trong số các nhóm này với thành viên còn lại trong cùng nhóm. Các thay thế axit amin bảo toàn có thể bao gồm gốc axit amin không có nguồn gốc trong tự nhiên, mà thường được kết hợp bằng cách tổng hợp peptit hóa học chứ không phải được tổng hợp trong các hệ sinh học. Các thay thế này bao gồm các giả peptit và các dạng nghịch đảo hoặc chuyển hóa khác của các gốc axit amin.

Các thay thế không bảo toàn có thể có liên quan đến việc trao đổi một thành viên của một trong số các lớp trên cho một thành viên của một lớp khác. Gốc được thay thế như vậy có thể được đưa vào các vùng của nhiễm sắc thể mà tương đồng với các kháng thể của người, hoặc được đưa vào các vùng không tương đồng của phân tử này.

Để thực hiện các thay đổi như vậy, theo các phương án nhất định, chỉ số thủy liệu pháp của axit amin có thể được xem xét. Profin thủy liệu pháp của một protein được tính toán bằng cách ấn định cho mỗi axit amin một giá trị bằng số ("chỉ số thủy liệu pháp") và sau đó tính trung bình lặp lại các giá trị này dọc chuỗi peptit. Mỗi axit amin đã được ấn định một chỉ số thủy liệu pháp trên cơ sở các đặc tính kỵ nước và điện tích của nó, các axit amin này là: isoleuxin (+4,5); valin (+4,2); leuxin (+3,8); phenylalanin (+2,8); xystein/xystin (+2,5); methionin (+1,9); alanin (+1,8); glyxin (-0,4); threonin (-0,7); serin

(-0,8); tryptophan (-0,9); tyrosin (-1,3); prolin (-1,6); histidin (-3,2); glutamat (-3,5); glutamin (-3,5); aspartat (-3,5); asparagin (-3,5); lysin (-3,9); và arginin (-4,5).

Tầm quan trọng của profin thủy liệu pháp trong việc tạo ra chức năng sinh học tương tác trên một protein là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này (xem tài liệu, *ví dụ,* Kyte *et al.*, 1982, *J. Mol. Biol.* 157:105-131). Đã biết rằng axit amin nhất định có thể được thay thế cho axit amin khác có chỉ số hoặc điểm thủy liệu pháp tương tự và vẫn duy trì được hoạt tính sinh học tương tự. Để thực hiện các thay đổi dựa trên chỉ số thủy liệu pháp, theo các phương án nhất định, việc thay thế axit amin mà có các chỉ số thủy liệu pháp nằm trong khoảng ±2 được bao gồm. Theo một vài khía cạnh, các thay thế mà các chỉ số thủy liệu pháp nằm trong khoảng ±1 được bao gồm, và theo các khía cạnh khác, các thay thế mà các chỉ số thủy liệu pháp nằm trong khoảng ±0,5 được bao gồm.

Cũng được hiểu trong lĩnh vực kỹ thuật này rằng việc thay thế axit amin tương tự có thể được tiến hành một cách hiệu quả trên cơ sở tính ưa nước, cụ thể là khi protein hoặc peptit có chức năng sinh học được tạo ra theo cách đó được dự định dùng trong các phương án miễn dịch, như trong trường hợp này. Theo các phương án nhất định, tính ưa nước trung bình cục bộ lớn nhất của một protein, như bị ảnh hưởng bởi tính ưa nước của axit amin liền kề với nó, có liên quan đến khả năng tạo miễn dịch và khả năng gắn kết với kháng nguyên hoặc tính miễn dịch, tức là, có liên quan đến đặc tính sinh học của protein.

Các giá trị ưa nước dưới đây được ấn định cho các gốc axit amin này: arginin (+3,0); lysin (+3,0); aspartat (+3,0±1); glutamat (+3,0±1); serin (+0,3); asparagin (+0,2); glutamin (+0,2); glyxin (0); threonin (-0,4); prolin (-0,5±1); alanin (-0,5); histidin (-0,5); xystein (-1,0); methionin (-1,3); valin (-1,5); leuxin (-1,8); isoleuxin (-1,8); tyrosin (-2,3); phenylalanin (-2,5) và tryptophan (-3,4). Để tạo ra các thay đổi dựa trên các giá trị về tính ưa nước tương tự, theo các phương án nhất định, việc thay thế axit amin có các giá trị ưa nước nằm trong khoảng ±2 được bao gồm, theo các phương án khác, các axit amin có giá trị ưa nước nằm trong khoảng ±1 được bao gồm, và cũng theo các phương án khác, các axit amin có giá trị ưa nước nằm trong khoảng ±0,5 được bao gồm. Trong một vài trường hợp, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này cũng có thể xác định được các epitop từ các trình tự axit amin sơ cấp trên cơ sở tính ưa nước. Các vùng này cũng được gọi là "các vùng lõi epitop."

Các thay thế axit amin bảo toàn được lấy làm ví dụ được nêu trong Bảng 6.

Bảng 8: Các thay thế axit amin bảo toàn

Gốc ban đầu	Các thay thế được lấy làm ví dụ
Ala	Ser
Arg	Lys
Asn	Gln, His
Asp	Glu
Cys	Ser
Gln	Asn
Glu	Asp
Gly	Pro
His	Asn, Gln
Ile	Leu, Val
Leu	Ile, Val
Lys	Arg, Gln, Glu
Met	Leu, Ile
Phe	Met, Leu, Tyr
Ser	Thr
Thr	Ser
Trp	Tyr
Tyr	Trp, Phe
Val	Ile, Leu

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể xác định được các biến thể thích hợp của các polypeptit như nêu ở đây bằng cách sử dụng các kỹ thuật đã biết rõ. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể xác định được các vùng thích hợp của phân tử có thể được thay đổi mà không phá hủy hoạt tính bằng

cách nhằm vào các vùng được cho là không quan trọng đối với hoạt tính. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này cũng có thể xác định được các gốc và các phần của các phân tử được bảo toàn trong số các polypeptit tương tự. Theo các phương án khác, ngay cả các vùng mà có thể là quan trọng đối với hoạt tính sinh học hoặc đối với cấu trúc có thể được tiến hành thay thế axit amin bảo toàn mà không phá hủy hoạt tính sinh học hoặc không làm ảnh hưởng bất lợi đến cấu trúc polypeptit.

Ngoài ra, chuyên gia trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể xem xét các nghiên cứu cấu trúc-chức năng xác định các gốc trong các polypeptit tương tự mà quan trọng đối với hoạt tính hoặc cấu trúc. Khi xem xét sự so sánh như vậy, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể dự đoán tầm quan trọng của các gốc axit amin trong một protein mà tương ứng với các gốc axit amin quan trọng đối với hoạt tính hoặc cấu trúc trong các protein tương tự. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể chọn các thay thế axit amin tương tự về mặt hóa học cho các gốc axit amin quan trọng đã dự đoán này.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này cũng có thể phân tích cấu trúc ba chiều và trình tự axit amin có liên quan đến cấu trúc đó trong các polypeptit tương tự. Khi xem xét thông tin này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể dự đoán việc sắp xếp thẳng hàng của các gốc axit amin của kháng thể có liên quan đến cấu trúc ba chiều của nó. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể lựa chọn không tiến hành các thay đổi đối với các gốc axit amin được dự đoán là nằm trên bề mặt của protein, vì các gốc như vậy có thể có liên quan đến các tương tác quan trọng với các phân tử khác. Hơn nữa, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể tạo ra các biến thể thử nghiệm có một thay thế axit amin ở mỗi gốc axit amin mong muốn. Sau đó, các biến thể này có thể được sàng lọc bằng cách tiến hành các thử nghiệm đối với hoạt tính GIPR, nhờ đó thu được thông tin về axit amin có thể được thay đổi và axit amin không cần được thay đổi. Nói cách khác, dựa trên các thông tin thu thập được từ các thử nghiệm thông thường, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể dễ dàng xác định được các phần axit amin mà nên tránh các thay thế thêm một mình hoặc kết hợp với các đột biến khác.

Một số công bố khoa học đã được đề xuất cho việc dự đoán cấu trúc thứ cấp. Xem tài liệu, Moult, 1996, *Curr. Op. in Biotech.* 7:422-427; Chou *et al.*, 1974, *Biochem.* 13:222-245; Chou *et al.*, 1974, *Biochemistry* 113:211-222; Chou *et al.*, 1978,

Adv. Enzymol. Relat. Areas Mol. Biol. 47:45-148; Chou *et al.*, 1979, *Ann. Rev. Biochem.* 47:251-276; và Chou *et al.*, 1979, *Biophys. J.* 26:367-384. Hơn nữa, hiện có nhiều chương trình máy tính có thể hỗ trợ cho việc dự đoán cấu trúc thứ cấp. Một phương pháp dự đoán cấu trúc thứ cấp là dựa trên việc lập mô hình tương đồng. Ví dụ, hai polypeptit hoặc protein mà có mức đồng nhất trình tự lớn hơn 30%, hoặc mức tương đồng trình tự lớn hơn 40% có thể có các tôpô cấu trúc tương tự. Sự phát triển gần đây của cơ sở dữ liệu cấu trúc protein (protein structural database-PDB) đã làm tăng khả năng dự đoán cấu trúc thứ cấp, bao gồm số lần gấp tiềm năng trong cấu trúc của polypeptit hoặc của protein. Xem tài liệu, Holm *et al.*, 1999, *Nucl. Acid. Res.* 27:244-247. Đã được gợi ý rằng (Brenner *et al.*, 1997, *Curr. Op. Struct. Biol.* 7:369-376) có một số giới hạn lần gấp ở polypeptit hoặc protein nhất định và một khi số cấu trúc giới hạn được phân tích, thì việc dự đoán cấu trúc sẽ chính xác hơn nhiều.

Các phương pháp khác dự đoán cấu trúc thứ cấp bao gồm "sắp gióng cột trình tự" (Jones, 1997, *Curr. Opin. Struct. Biol.* 7:377-387; Sippl *et al.*, 1996, *Structure* 4:15-19), "phân tích profin" (Bowie *et al.*, 1991, *Science* 253:164-170; Gribskov *et al.*, 1990, *Meth. Enzym.* 183:146-159; Gribskov *et al.*, 1987, *Proc. Nat. Acad. Sci.* 84:4355-4358), và "liên kết tiến hóa" (Xem tài liệu, Holm, 1999, *trên đây*; và Brenner, 1997, *trên đây*).

Theo một vài phương án, các thay thế axit amin được tiến hành để: (1) làm giảm sự nhạy cảm với sự phân giải protein, (2) làm giảm sự nhạy cảm với sự oxy hóa, (3) làm thay đổi ái lực gắn kết để tạo thành các phức hợp protein, (4) làm thay đổi ái lực gắn kết với phối tử hoặc kháng nguyên, và/hoặc (4) tạo ra hoặc cải biến các đặc tính lý hóa hoặc chức năng trên các polypeptit này. Ví dụ, thay thế một hoặc nhiều axit amin (theo các phương án nhất định, các thay thế axit amin bảo toàn) có thể được tiến hành ở trình tự có nguồn gốc trong tự nhiên. Các thay thế có thể được tiến hành ở phần kháng thể nằm ngoài (các) vùng gấp tạo ra các vị trí tiếp xúc liên phân tử). Theo các phương án này, các thay thế axit amin bảo toàn có thể được sử dụng để không làm thay đổi đáng kể các đặc điểm cấu trúc của trình tự gốc (ví dụ, một hoặc nhiều axit amin thay thế không làm phá vỡ cấu trúc thứ cấp mà xác định protein gắn kết kháng nguyên gốc hoặc nguyên thể). Các ví dụ về các cấu trúc bậc hai và bậc ba của polypeptit đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này được mô tả trong tài liệu Proteins, Structures and Molecular Principles (Creighton, Ed.), 1984, W. H. New York: Freeman and Company; Introduction to Protein Structure

(Branden và Tooze, eds.), 1991, New York: Garland Publishing; và Thornton *et al.*, 1991, *Nature* 354:105, mỗi tài liệu được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Các biến thể kháng thể được ưu tiên khác bao gồm các biến thể xystein trong đó một hoặc nhiều gốc xystein trong trình tự axit amin gốc hoặc nguyên thể được loại bỏ hoặc được thay thế bằng axit amin khác (*ví dụ,* serin). Các biến thể xystein là hữu dụng, không kể các biến thể khác nếu các kháng thể phải được gấp lại thành cấu hình có hoạt tính sinh học. Các biến thể xystein có thể có số gốc xystein ít hơn so với kháng thể nguyên thể, và thường có một số gốc xystein nhất định để làm giảm tối thiểu các tương tác do các gốc xystein không bắt cặp gây ra.

Các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, các vùng gấp trong vùng biến đổi và các CDR mà được mô tả có thể được sử dụng để tạo ra các polypeptit mà có vùng gắn kết kháng nguyên để có thể gắn kết đặc hiệu với GIPR. Ví dụ, một hoặc nhiều CDR có thể được kết hợp cộng hóa trị hoặc không cộng hóa trị vào một phân tử (*ví dụ,* polypeptit) để tạo nên phân tử kết dính miễn dịch. Phân tử kết dính miễn dịch có thể kết hợp (các) CDR làm một phần của chuỗi polypeptit lớn, có thể liên kết cộng hóa trị (các) CDR với chuỗi polypeptit khác, hoặc có thể kết hợp (các) CDR không cộng hóa trị. (Các) CDR cho phép phân tử kết dính miễn dịch gắn kết đặc hiệu với kháng nguyên quan tâm cụ thể (*ví dụ,* polypeptit GIPR hoặc epitop của nó).

Các phân tử bắt chước (*ví dụ,* "các phân tử bắt chước peptit" hoặc "các dạng bắt chước peptit") dựa trên các vùng gấp trên vùng biến đổi và các CDR mà được mô tả ở đây cũng được đề cập. Các phân tử tương tự có thể là peptit, không phải peptit hoặc các dạng kết hợp của các vùng peptit và các vùng không phải peptit. Fauchere, 1986, *Adv. Drug Res.* 15:29; Veber và Freidinger, 1985, *TINS* p. 392; và Evans *et al.*, 1987, *J. Med. Chem.* 30:1229, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn vì mục đích bất kỳ. Các phân tử bắt chước peptit có cấu trúc tương tự với các peptit hữu dụng để điều trị có thể được sử dụng để tạo ra tác dụng điều trị hoặc phòng ngừa tương tự. Các hợp chất này thường được phát triển với sự trợ giúp của việc lập mô hình phân tử bằng máy tính. Nói chung, các phân tử bắt chước peptit là các protein mà có cấu trúc tương tự với kháng thể biểu hiện hoạt tính sinh học mong muốn, như khả năng gắn kết đặc hiệu với GIPR, nhưng có một hoặc nhiều liên kết peptit tùy ý được thay thế bằng liên kết được chọn từ: -CH_2NH-, -CH_2S-, -CH_2-CH_2-, -CH-CH-(cis và trans), -$COCH_2$-, -$CH(OH)CH_2$-, và -CH_2SO-, bằng các phương pháp đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Việc thay thế có

hệ thống một hoặc nhiều axit amin của một trình tự liên ứng bằng D-axit amin thuộc cùng loại (*ví dụ,* D-lysin thay vì L-lysin) có thể được sử dụng theo các phương án nhất định để tạo ra nhiều protein ổn định hơn. Ngoài ra, các peptit được ràng buộc chứa một trình tự liên ứng hoặc một biến thể của trình tự liên ứng khá tương tự có thể được tạo ra bằng các phương pháp đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này (Rizo và Gierasch, 1992, *Ann. Rev. Biochem.* 61:387), được đưa vào đây bằng cách viện dẫn), ví dụ, bằng cách bổ sung các gốc xystein bên trong có khả năng tạo ra các cầu nối disulfua nội phân tử để đóng vòng peptit.

Các dẫn xuất của protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây cũng được đề cập. Các protein gắn kết kháng nguyên được tạo dẫn xuất có thể bao gồm phân tử hoặc chất bất kỳ mà tạo ra đặc tính mong muốn cho kháng thể hoặc đoạn kháng thể, như thời gian bán thải tăng khi được sử dụng cụ thể. Protein gắn kết kháng nguyên được tạo dẫn xuất có thể chứa, ví dụ, gốc có thể phát hiện được (hoặc gốc đánh dấu) (*ví dụ,* phân tử có hoạt tính phóng xạ, đo màu, kháng nguyên hoặc enzym, hạt có thể phát hiện được (như hạt từ tính hoặc hạt có mật độ điện tích (*ví dụ,* hạt vàng)), hoặc phân tử gắn kết với một phân tử khác (*ví dụ,* biotin hoặc streptavidin)), gốc điều trị hoặc chẩn đoán (*ví dụ,* gốc có hoạt tính phóng xạ, gây độc tế bào, hoặc có hoạt tính dược), hoặc phân tử mà làm tăng khả năng phù hợp của protein gắn kết kháng nguyên với mục đích sử dụng cụ thể (*ví dụ,* sử dụng cho đối tượng, như đối tượng là người, hoặc các mục đích sử dụng *in vivo* hoặc *in vitro* khác). Các ví dụ về các phân tử mà có thể được sử dụng để tạo dẫn xuất protein gắn kết kháng nguyên bao gồm albumin (*ví dụ,* albumin huyết thanh của người) và polyetylen glycol (PEG). Các dẫn xuất được liên kết với albumin và được PEGyl hóa của protein gắn kết kháng nguyên có thể được điều chế bằng cách sử dụng các kỹ thuật đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Các protein gắn kết kháng nguyên nhất định bao gồm một polypeptit chuỗi đơn được pegyl hóa như được mô tả ở đây. Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên được tiếp hợp hoặc mặt khác được liên kết với transthyretin (TTR) hoặc biến thể TTR. TTR hoặc biến thể TTR có thể được cải biến về mặt hóa học bằng, ví dụ, một hợp chất hóa học được chọn từ nhóm bao gồm dextran, poly(n-vinyl pyrolidon), polyetylen glycol, homopolyme propropylen glycol, copolyme polypropylen oxit/etylen oxit, polyol được polyoxyetyl hóa và rượu polyvinyl.

Các dẫn xuất khác bao gồm các thể tiếp hợp cộng hóa trị hoặc kết tụ của protein gắn kết kháng nguyên GIPR với các protein hoặc polypeptit khác, như bằng cách biểu

hiện các protein dung hợp tái tổ hợp bao gồm các polypeptit khác nguồn gốc được dung hợp với đầu N hoặc đầu C của protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Ví dụ, peptit được tiếp hợp có thể là một polypeptit tín hiệu (hoặc polypeptit dẫn) khác nguồn gốc, *ví dụ,* trình tự dẫn của yếu tố alpha của nấm men, hoặc peptit như đuôi epitop. Các protein dung hợp chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR có thể bao gồm các peptit được bổ sung để tạo điều kiện thuận lợi cho quá trình tinh chế hoặc xác định protein gắn kết kháng nguyên GIPR (*ví dụ,* poly-His). Protein gắn kết kháng nguyên GIPR cũng có thể được liên kết với peptit FLAG như được mô tả trong tài liệu Hopp *et al.*, 1988, *Bio/Technology* 6:1204; và Patent Mỹ số 5,011,912. Peptit FLAG có tính kháng nguyên cao và tạo ra một epitop được liên kết thuận nghịch với một kháng thể đơn dòng (mAb) đặc hiệu, cho phép thử nghiệm nhanh và làm đơn giản quá trình tinh chế protein tái tổ hợp được biểu hiện. Các chất phản ứng hữu dụng để điều chế các protein dung hợp trong đó peptit FLAG được dung hợp với một polypeptit nhất định là sẵn có trên thị trường (Sigma, St. Louis, MO).

Theo một vài phương án, protein gắn kết kháng nguyên chứa một hoặc nhiều phân tử đánh dấu. Thuật ngữ "nhóm đánh dấu" hoặc "phân tử đánh dấu" có nghĩa là phân tử đánh dấu bất kỳ. Các ví dụ về các nhóm đánh dấu thích hợp bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các phân tử dưới đây: các phân tử đồng vị phóng xạ hoặc nuclit phóng xạ (*ví dụ,* ^{3}H, ^{14}C, ^{15}N, ^{35}S, ^{90}Y, ^{99}Tc, ^{111}In, ^{125}I, ^{131}I), các nhóm huỳnh quang (*ví dụ,* FITC, rhodamin, lantanit phospho), các nhóm enzym (*ví dụ,* peroxidaza cây củ cải cay, β-galactosidaza, luxiferaza, phosphataza kiềm), các nhóm phát quang hóa học, các nhóm biotinyl, hoặc các epitop polypeptit tiền định được nhận diện bởi phân tử thông báo thứ cấp (*ví dụ,* các trình tự cặp khóa kéo leuxin, các vị trí gắn kết với các kháng thể thứ cấp, các vùng gấp gắn kết với kim loại, các đuôi epitop). Theo một vài phương án, nhóm đánh dấu được liên kết với protein gắn kết kháng nguyên thông qua các nhóm đệm có chiều dài khác nhau để làm giảm sự cản trở không gian tiềm ẩn. Các phương pháp khác để đánh dấu các protein là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này và có thể được sử dụng thích hợp.

Thuật ngữ "nhóm tác động" có nghĩa là nhóm bất kỳ được liên kết với protein gắn kết kháng nguyên mà đóng vai trò như một chất gây độc tế bào. Các ví dụ về các nhóm tác động thích hợp là các đồng vị phóng xạ hoặc các nuclit phóng xạ (*ví dụ,* ^{3}H, ^{14}C, ^{15}N, ^{35}S, ^{90}Y, ^{99}Tc, ^{111}In, ^{125}I, ^{131}I). Các nhóm thích hợp khác bao gồm các độc tố, các nhóm điều trị, hoặc các nhóm hóa trị liệu. Ví dụ về các nhóm thích hợp bao gồm calicheamixin, auristatin, geldanamyxin và maytansin. Theo một vài phương án, nhóm tác động được

liên kết với protein gắn kết kháng nguyên thông qua các nhóm đệm có chiều dài khác nhau để làm giảm sự cản trở trong không gian tiềm ẩn.

Nói chung, các phân tử đánh dấu được chia làm nhiều nhóm, tùy thuộc vào thử nghiệm trong đó chúng có thể được phát hiện: a) các phân tử đánh dấu đồng vị, có thể có hoạt tính phóng xạ hoặc các đồng vị nặng; b) các phân tử đánh dấu từ tính (*ví dụ,* các hạt từ); c) các gốc có hoạt tính oxy hóa khử; d) các thuốc nhuộm quang; các nhóm enzym (*ví dụ,* peroxidaza cây củ cải cay, β-galactosidaza, luxiferaza, phosphataza kiềm); e) các nhóm được biotinyl hóa; và f) các epitop polypeptit tiền định được nhận diện bởi phân tử thông báo thứ cấp (*ví dụ,* các trình tự cặp khóa kéo leuxin, các vị trí gắn kết với kháng thể thứ cấp, các vùng gấp gắn kết với kim loại, các đuôi epitop, v.v.). Theo một vài phương án, nhóm đánh dấu được liên kết với protein gắn kết kháng nguyên thông qua các nhóm đệm có chiều dài khác nhau để làm giảm sự cản trở trong không gian tiềm ẩn. Các phương án khác nhau để đánh dấu protein là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Các phân tử đánh dấu cụ thể bao gồm các thuốc nhuộm quang, bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các nhóm mang màu, phospho và chất huỳnh quang, trong đó chất huỳnh quang này là đặc hiệu trong nhiều trường hợp. Các chất huỳnh quang có thể là các chất huỳnh quang "phân tử nhỏ", các chất huỳnh quang có protein.

Thuật ngữ "phân tử đánh dấu huỳnh quang" có nghĩa là một phân tử bất kỳ mà có thể được phát hiện nhờ các đặc tính huỳnh quang vốn có của nó. Các phân tử đánh dấu huỳnh quang thích hợp bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, fluoresxein, rhodamin, tetrametylrhodamin, eosin, erythrosin, coumarin, metyl-coumarin, pyren, xanh lá cây Malacite, stilbene, vàng Luxifer, Cascade BlueJ, đỏ Texas, IAEDANS, EDANS, BODIPY FL, LC Red 640, Cy 5, Cy 5.5, LC Red 705, xanh lá cây Oregon, các thuốc nhuộm Alexa-Fluor (Alexa Fluor 350, Alexa Fluor 430, Alexa Fluor 488, Alexa Fluor 546, Alexa Fluor 568, Alexa Fluor 594, Alexa Fluor 633, Alexa Fluor 660, Alexa Fluor 680), xanh da trời Cascade, vàng Cascade và R-phycoerythrin (PE) (Molecular Probes, Eugene, OR), FITC, Rhodamin, và đỏ Texa (Pierce, Rockford, IL), Cy5, Cy5.5, Cy7 (Amersham Life Science, Pittsburgh, PA). Các thuốc nhuộm quang thích hợp, bao gồm các chất huỳnh quang, được mô tả trong tài liệu Molecular Probes Handbook by Richard P. Haugland, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Các phân tử đánh dấu huỳnh quang có protein thích hợp cũng bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, protein huỳnh quang xanh lá cây, bao gồm loài Renilla, Ptilosarcus,

hoặc Aequorea có GFP (Chalfie *et al.*, 1994, *Science* 263:802-805), EGFP (Clontech Labs., Inc., Số đăng ký ngân hàng gen U55762), protein huỳnh quang xanh da trời (BFP, Quantum Biotechnologies, Inc., Quebec, Canada; Stauber, 1998, *Biotechniques* 24:462-471; Heim *et al.*, 1996, *Curr. Biol.* 6:178-182), protein huỳnh quang vàng được tăng cường (EYFP, Clontech Labs., Inc.), luxiferaza (Ichiki *et al.*, 1993, *J. Immunol.* 150:5408-5417), β galactosidaza (Nolan *et al.*, 1988, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 85:2603-2607) và Renilla (công bố đơn quốc tế số WO92/15673, WO95/07463, WO98/14605, WO98/26277, WO99/49019, các patent Mỹ số 5292658, số 5418155, số 5683888, số 5741668, số 5777079, số 5804387, số 5874304, số 5876995, số 5925558).

Các axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên được mô tả ở đây, hoặc các phần của nó, cũng được đề cập, bao gồm các axit nucleic mã hóa một hoặc cả hai chuỗi của kháng thể, hoặc một đoạn, dẫn xuất, protein đột biến, hoặc biến thể của chúng, polynucleotit mã hóa các vùng biến đổi của chuỗi nặng hoặc chỉ các CDR, polynucleotit thích hợp để dùng làm các mẫu dò lai, các đoạn mồi PCR hoặc các đoạn mồi dùng để giải trình tự để xác định, phân tích, gây đột biến hoặc khuếch đại polynucleotit mã hóa polypeptit, các axit nucleic đối nghĩa để ức chế sự biểu hiện của polynucleotit, và các trình tự bổ sung của trình tự nêu trên. Các axit nucleic có thể có chiều dài bất kỳ. Các axit nuleic có thể có chiều dài gồm, ví dụ, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 75, 100, 125, 150, 175, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 750, 1.000, 1.500, 3.000, 5.000 hoặc nhiều hơn 5.000 nucleotit, và/hoặc có thể bao gồm một hoặc nhiều trình tự khác, ví dụ, các trình tự điều hòa, và/hoặc là một phần của axit nucleic lớn hơn, ví dụ, vectơ. Các axit nucleic có thể là dạng mạch đơn hoặc mạch kép và có thể bao gồm nucleotit ARN và/hoặc ADN, và các biến thể nhân tạo của chúng (ví dụ, các axit nucleic peptit). Vùng biến đổi bất kỳ được đề cập ở đây có thể được gắn với các vùng cố định này để tạo thành các trình tự chuỗi nhẹ và chuỗi nặng đầy đủ. Tuy nhiên, cần hiểu rằng các trình tự vùng cố định này được đề cập chỉ nhằm mục đích làm các ví dụ cụ thể. Theo một vài phương án, các trình tự vùng biến đổi được liên kết với các trình tự vùng cố định khác mà đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Các axit nucleic mã hóa các protein gắn kết kháng nguyên nhất định, hoặc các phần của chúng (*ví dụ,* kháng thể có chiều dài đầy đủ, chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng, vùng gấp biến đổi, hoặc CDRH1, CDRH2, CDRH3, CDRL1, CDRL2, hoặc CDRL3) có thể

được phân lập từ các tế bào B của chuột nhắt mà đã được gây miễn dịch bằng GIPR hoặc đoạn sinh miễn dịch của nó. Axit nucleic có thể được phân lập bằng các quy trình thông thường như phản ứng chuỗi polymeraza (polymerase chain reaction-PCR). Biểu hiện trên thể thực khuẩn là một ví dụ khác về kỹ thuật đã biết nhờ đó các dẫn xuất của kháng thể và các protein gắn kết kháng nguyên khác có thể được tạo ra. Theo một phương pháp, các polypeptit mà là các thành phần của protein gắn kết kháng nguyên quan tâm được biểu hiện trong hệ biểu hiện tái tổ hợp thích hợp bất kỳ, và các polypeptit được biểu hiện được phép kết hợp để tạo thành các protein gắn kết kháng nguyên.

Một khía cạnh khác còn đề cập đến các axit nucleic mà lai với các axit nucleic khác trong các điều kiện lai cụ thể. Các phương pháp lai các axit nucleic là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Xem tài liệu, *ví dụ,* Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6. Như được bộc lộ ở đây, điều kiện lai nghiêm ngặt vừa phải sử dụng dung dịch rửa sơ bộ chứa 5x natri clorua/natri xitrat (SSC), 0,5% SDS, 1,0mM EDTA (pH 8,0), dung dịch đệm lai chứa khoảng 50% formamit, 6x SSC, và nhiệt độ lai bằng 55°C (hoặc các dung dịch lai tương tự khác, như dung dịch lai chứa 50% formamit, với nhiệt độ lai bằng 42°C), và các điều kiện rửa là nhiệt độ rửa 60°C, trong 0,5x SSC, 0,1% SDS. Điều kiện lai nghiêm ngặt là lai trong 6x SSC ở nhiệt độ 45°C, sau đó rửa một hoặc nhiều lần trong 0,1x SSC, 0,2% SDS ở nhiệt độ 68°C. Ngoài ra, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể điều chỉnh các điều kiện lai và/hoặc rửa để làm tăng hoặc làm giảm mức độ nghiêm ngặt của quá trình lai sao cho các axit nucleic chứa các trình tự nucleotit mà ít nhất 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98% hoặc 99% đồng nhất với nhau thường vẫn được lai với nhau.

Các thông số cơ bản có tác động đến việc chọn các điều kiện lai và hướng dẫn để tìm ra các điều kiện thích hợp được nêu trong tài liệu, ví dụ, Sambrook, Fritsch, và Maniatis (2001, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., *trên đây*; và Current Protocols in Molecular Biology, 1995, Ausubel *et al.*, eds., John Wiley & Sons, Inc., sections 2.10 và 6.3-6.4), và có thể dễ dàng được xác định bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này dựa vào, *ví dụ,* chiều dài và/hoặc thành phần bazơ của axit nucleic.

Các thay đổi có thể được đưa vào axit nucleic bằng cách gây đột biến, nhờ đó dẫn đến các thay đổi về trình tự axit amin của một polypeptit (*ví dụ,* kháng thể hoặc dẫn xuất

kháng thể) mà nó mã hóa. Các đột biến có thể được đưa vào bằng cách sử dụng kỹ thuật bất kỳ đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gốc axit amin cụ thể được thay đổi bằng cách sử dụng, ví dụ, quy trình gây đột biến trực tiếp vị trí. Theo một phương án khác, một hoặc nhiều gốc được chọn lọc ngẫu nhiên được thay đổi bằng cách sử dụng, ví dụ, quy trình gây đột biến ngẫu nhiên. Tuy nhiên khi quy trình này được thực hiện, một polypeptit đột biến có thể được biểu hiện và được sàng lọc đặc tính mong muốn.

Các đột biến có thể được đưa vào một axit nucleic mà không làm thay đổi đáng kể hoạt tính sinh học của một polypeptit mà nó mã hóa. Ví dụ, một người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này có thể tiến hành các thay thế nucleotit dẫn đến các thay thế axit amin ở các gốc axit amin không thiết yếu. Theo cách khác, một hoặc nhiều đột biến có thể được đưa vào axit nucleic để làm thay đổi chọn lọc hoạt tính sinh học của một polypeptit mà nó mã hóa. Ví dụ, đột biến có thể làm thay đổi về mặt chất lượng hoặc số lượng hoạt tính sinh học. Ví dụ các thay đổi về số lượng bao gồm tăng, giảm hoặc làm mất hoạt tính. Ví dụ các thay đổi về chất lượng bao gồm thay đổi tính đặc hiệu với kháng nguyên của kháng thể. Theo một phương án, một axit nucleic mã hóa protein gắn kết kháng nguyên bất kỳ được mô tả ở đây có thể được gây đột biến để làm thay đổi trình tự axit amin bằng cách sử dụng các kỹ thuật sinh học phân tử mà đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến các phân tử axit nucleic thích hợp để sử dụng làm các đoạn mồi hoặc các mẫu dò lai để phát hiện các trình tự axit nucleic. Một phân tử axit nucleic có thể chỉ chứa một phần của trình tự axit nucleic mã hóa polypeptit có chiều dài đầy đủ, ví dụ, một đoạn có thể được sử dụng làm mẫu dò hoặc đoạn mồi hoặc một đoạn mã hóa một phần có hoạt tính của polypeptit.

Các mẫu dò dựa trên trình tự axit nucleic có thể được sử dụng để phát hiện axit nucleic hoặc các axit nucleic tương tự, ví dụ, các bản sao mã hóa polypeptit. Mẫu dò có thể chứa nhóm đánh dấu, *ví dụ,* đồng vị phóng xạ, hợp chất huỳnh quang, enzym, hoặc đồng nhân tố enzym. Các mẫu dò như vậy có thể được sử dụng để xác định tế bào biểu hiện polypeptit này.

Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến các vectơ chứa axit nucleic mã hóa polypeptit hoặc một phần của nó (*ví dụ,* một đoạn chứa một hoặc nhiều CDR hoặc một hoặc nhiều vùng gấp trên vùng biến đổi). Các ví dụ về các vectơ này bao gồm, nhưng

không chỉ giới hạn ở, plasmit, vectơ virut, vectơ từ động vật có vú không episom và vectơ biểu hiện, ví dụ, vectơ biểu hiện tái tổ hợp. Vectơ biểu hiện tái tổ hợp có thể chứa axit nucleic ở dạng thích hợp để biểu hiện axit nucleic trong tế bào chủ. Vectơ biểu hiện tái tổ hợp bao gồm một hoặc nhiều trình tự điều hòa, được chọn trên cơ sở các tế bào chủ được sử dụng để biểu hiện, được liên kết động với trình tự axit nucleic được biểu hiện. Các trình tự điều hòa bao gồm các trình tự mà điều khiển sự biểu hiện cơ bản của trình tự nucleotit trong nhiều loại tế bào chủ (*ví dụ,* trình tự tăng cường gen sớm SV40, trình tự khởi đầu virut Rous sarcoma và trình tự khởi đầu cytomegalovirut), các trình tự điều khiển sự biểu hiện của trình tự nucleotit chỉ trong các tế bào chủ nhất định (*ví dụ,* các trình tự điều hòa đặc hiệu mô, xem tài liệu, Voss *et al.*, 1986, *Trends Biochem. Sci.* 11:287, Maniatis *et al.*, 1987, *Science* 236:1237, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn), và các trình tự điều khiển sự biểu hiện dễ cảm ứng của một trình tự nucleotit khi đáp lại việc điều trị hoặc tình trạng bệnh cụ thể (*ví dụ,* trình tự khởi đầu metallothionin ở các tế bào động vật có vú và trình tự khởi đầu đáp ứng với tet và/hoặc đáp ứng với streptomyxin ở cả hệ tế bào có nhân thực và tế bào chưa có nhân điển hình (xem, tài liệu viện dẫn ngay phía trên). Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này hiểu rằng việc thiết kế vectơ biểu hiện có thể tùy thuộc vào các yếu tố như việc chọn tế bào chủ được biến nạp, mức biểu hiện của protein mong muốn, v.v.. Vectơ biểu hiện có thể được đưa vào tế bào chủ để nhờ đó tổng hợp các protein hoặc các peptit, bao gồm các protein hoặc peptit dung hợp, được mã hóa bởi các axit nucleic như được mô tả ở đây.

Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến các tế bào chủ để đưa vectơ biểu hiện tái tổ hợp vào. Một tế bào chủ có thể là tế bào chưa có nhân thực bất kỳ (ví dụ, *E. coli*) hoặc tế bào có nhân thực (ví dụ, các tế bào nấm men, côn trùng, hoặc động vật có vú (*ví dụ,* tế bào CHO)). Vectơ ADN có thể được đưa vào tế bào có nhân thực hoặc tế bào chưa có nhân thực bằng các kỹ thuật chuyển nhiễm hoặc biến nạp thông thường. Để chuyển nhiễm ổn định các tế bào của động vật có vú, đã biết rằng tùy thuộc vào vectơ biểu hiện và kỹ thuật chuyển nhiễm được sử dụng, chỉ một phần nhỏ các tế bào có thể kết hợp ADN ngoại lai vào bộ gen của chúng. Để xác định và chọn lọc các thể kết hợp này, gen mã hóa chất chỉ thị chọn lọc (*ví dụ,* để kháng các chất kháng sinh) thường được đưa vào các tế bào chủ cùng với gen quan tâm. Các chất chỉ thị chọn lọc được ưu tiên bao gồm các chất chỉ thị mà tạo ra tính kháng các dược chất, như G418, hygromyxin và methotrexat. Các tế bào được chuyển nhiễm ổn định axit nucleic được đưa vào có thể

được xác định bằng cách chọn lọc dược chất (*ví dụ,* các tế bào được kết hợp gen chỉ thị chọn lọc này sẽ sống sót, trong khi các tế bào còn lại bị chết), trong số các phương pháp khác.

Các hệ biểu hiện và các cấu trúc ở dạng plasmit, vectơ biểu hiện, catxet biểu hiện hoặc phiên mã chứa ít nhất một polynucleotit như được mô tả trên đây cũng có thể được đề cập ở đây, cũng như là các tế bào chủ chứa các hệ hoặc các cấu trúc biểu hiện này.

Protein gắn kết kháng nguyên được đề cập ở đây có thể được tạo ra bằng kỹ thuật bất kỳ trong số một số các kỹ thuật thông thường. Ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên GIPR có thể được tạo ra bằng các hệ biểu hiện tái tổ hợp, sử dụng kỹ thuật bất kỳ đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. Xem tài liệu, *ví dụ,* Monoclonal Antibodies, Hybridomas: A New Dimension in Biological Analyses, Kennet et al. (eds.) Plenum Press, New York (1980); và Antibodies: A Laboratory Manual, Harlow và Lane (eds.), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (1988).

Protein gắn kết kháng nguyên có thể được biểu hiện trong các dòng tế bào lai (*ví dụ,* cụ thể là các kháng thể có thể được biểu hiện trong các tế bào lai) hoặc trong các dòng tế bào ngoài các tế bào lai. Cấu trúc biểu hiện mã hóa các kháng thể có thể được sử dụng để biến nạp vào tế bào chủ của động vật có vú, của côn trùng hoặc của vi sinh vật. Quá trình biến nạp có thể được thực hiện bằng cách sử dụng phương pháp đã biết bất kỳ để đưa polynucleotit vào tế bào chủ, bao gồm, ví dụ bao gói polynucleotit trong một virut hoặc thể thực khuẩn và tải nạp cấu trúc này vào tế bào chủ bằng các quy trình chuyển nhiễm đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này, như được bộc lộ trong Patent Mỹ số 4,399,216; số 4,912,040; số 4,740,461; số 4,959,455. Quy trình biến nạp tối ưu được sử dụng sẽ tùy thuộc vào loại tế bào chủ được biến nạp. Các phương pháp để đưa polynucleotit khác nguồn gốc vào các tế bào của động vật có vú là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này và bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, chuyển nhiễm qua trung gian dextran, kết tủa bằng canxi phosphat, chuyển nhiễm qua trung gian polybren, dung hợp tế bào trần, xung điện, bao nang (các) polynucleotit trong liposom, trộn axit nucleic với các lipit mang điện tích dương, và vi tiêm trực tiếp ADN vào nhân.

Các cấu trúc biểu hiện tái tổ hợp thường bao gồm một phân tử axit nucleic mã hóa polypeptit chứa một hoặc nhiều các thành phần sau: một hoặc nhiều CDR được đề cập ở đây; vùng cố định chuỗi nhẹ; vùng biến đổi chuỗi nhẹ; vùng cố định chuỗi nặng (*ví dụ,* C_H1, C_H2 và/hoặc C_H3); và/hoặc phần khung khác của protein gắn kết kháng nguyên

GIPR. Các trình tự axit nucleic này được gắn vào vectơ biểu hiện thích hợp bằng cách sử dụng các kỹ thuật nối chuẩn. Theo một phương án, vùng cố định chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng được gắn vào đầu C của vùng biến đổi chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng đặc hiệu kháng GIPR và được nối vào vectơ biểu hiện. Vectơ này thường được lựa chọn là có chức năng trong tế bào chủ cụ thể được chọn (tức là, vectơ này là tương thích với bộ máy của tế bào chủ, cho phép khuếch đại và/hoặc biểu hiện gen có thể xảy ra). Theo một vài phương án, các vectơ được sử dụng mà sử dụng các thử nghiệm bổ sung đoạn-protein bằng cách sử dụng các phân tử thông báo protein, như dihydrofolat reductaza (xem tài liệu, ví dụ, Patent Mỹ số 6,270,964, mà được đưa vào đây bằng cách viện dẫn). Các vectơ biểu hiện thích hợp có thể được mua, ví dụ, từ Invitrogen Life Technologies hoặc BD Biosciences (trước đây là "Clontech"). Các vectơ hữu dụng khác để tách dòng và biểu hiện kháng thể và các đoạn bao gồm các vectơ được mô tả trong tài liệu Bianchi và McGrew, 2003, *Biotech. Biotechnol. Bioeng.* 84:439-44, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Các vectơ biểu hiện thích hợp khác được bàn luận, ví dụ, trong tài liệu *Methods Enzymol.*, vol. 185 (D. V. Goeddel, ed.), 1990, New York: Academic Press.

Thông thường, vectơ biểu hiện được sử dụng trong tế bào chủ bất kỳ trong số các tế bào chủ sẽ chứa các trình tự để duy trì plasmit và để tách dòng và biểu hiện các trình tự nucleotit ngoại sinh. Theo các phương án nhất định, các trình tự này, nói chung được gọi là "các trình tự bên" thường sẽ bao gồm một hoặc nhiều trình tự nucleotit dưới đây: trình tự khởi đầu, một hoặc nhiều trình tự tăng cường, điểm khởi đầu tái bản, trình tự kết thúc phiên mã, trình tự intron đầy đủ chứa vị trí nối cho và nhận, trình tự mã hóa trình tự dẫn để tiết polypeptit, vị trí gắn kết ribosom, trình tự polyadenyl hóa, vùng đa liên kết để gắn axit nucleic mã hóa polypeptit được biểu hiện, và yếu tố chỉ thị chọn lọc. Mỗi trình tự trong số các trình tự này được bàn luận dưới đây.

Tùy ý, vectơ có thể chứa trình tự mã hóa "đuôi", tức là một phân tử oligonucleotit nằm ở đầu 5′ hoặc 3′ của trình tự mã hóa protein gắn kết kháng nguyên GIPR; trình tự oligonucleotit mã hóa polyHis (như hexaHis), hoặc "đuôi" khác như FLAG®, HA (hemaglutinin của virut cúm), hoặc myc, mà có mặt trên các kháng thể sẵn có trên thị trường. Đuôi này thường được dung hợp với polypeptit khi biểu hiện polypeptit, và có thể dùng làm cách thức để tinh chế ái lực hoặc phát hiện protein gắn kết kháng nguyên GIPR từ tế bào chủ. Tinh chế ái lực có thể được tiến hành, ví dụ, bằng sắc ký cột sử dụng các kháng thể kháng đuôi làm ma trận ái lực. Tùy ý, sau đó đuôi này có thể được loại bỏ

khối protein gắn kết kháng nguyên GIPR bằng các biện pháp khác nhau như sử dụng các peptidaza nhất định để phân cắt.

Các trình tự bên có thể là trình tự tương đồng (tức là, có nguồn gốc từ loài và/hoặc chủng giống tế bào chủ), khác nguồn gốc (tức là, từ các loài khác với các loài hoặc chủng tế bào chủ), lai (tức là, dạng tổ hợp của các trình tự bên từ nhiều hơn một nguồn), trình tự tổng hợp hoặc trình tự nguyên thể. Vì thế, nguồn trình tự bên có thể là sinh vật có nhân thực hoặc sinh vật chưa có nhân thực bất kỳ, sinh vật có xương sống và không xương sống bất kỳ, hoặc thực vật bất kỳ, miễn là trình tự bên này có chức năng trong, và có thể được hoạt hóa bởi bộ máy của tế bào chủ.

Các trình tự bên hữu dụng trong các vectơ có thể được tạo ra bằng phương pháp bất kỳ trong số các phương pháp đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Thông thường, các trình tự bên hữu dụng ở đây sẽ được xác định bằng cách lập bản đồ và/hoặc bằng cách phân cắt bằng endonucleaza giới hạn và do đó có thể được phân lập từ nguồn mô thích hợp bằng cách sử dụng các endonucleaza giới hạn thích hợp. Trong một vài trường hợp, trình tự nucleotit đầy đủ của trình tự bên có thể là đã biết. Song ở đây, trình tự bên có thể được tổng hợp bằng các phương pháp được mô tả ở đây để tổng hợp hoặc tách dòng axit nucleic.

Cho dù toàn bộ hay chỉ một phần trình tự bên có biết hay không, thì trình tự này vẫn có thể được tổng hợp bằng phản ứng chuỗi polymeraza (PCR) và/hoặc bằng cách sàng lọc thư viện bộ gen bằng mẫu dò thích hợp như oligonucleotit và/hoặc đoạn trình tự bên từ cùng một loài hoặc từ một loài khác. Nếu trình tự bên là không biết, thì một đoạn ADN chứa trình tự bên có thể được phân lập từ một đoạn ADN lớn hơn mà có thể chứa, ví dụ, một trình tự mã hóa hoặc thậm chí một hoặc nhiều gen khác. Quá trình phân lập có thể được thực hiện bằng cách phân cắt bằng endonucleaza giới hạn để tạo ra đoạn ADN thích hợp sau đó phân lập bằng cách tinh chế trên gel agaroza, sắc ký cột Qiagen® (Chatsworth, CA), hoặc các phương pháp khác đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này. Việc chọn các enzym thích hợp để thực hiện mục đích này là đã biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Điểm khởi đầu tái bản thường là một phần của các vectơ biểu hiện từ tế bào chưa có nhân thực được mua trên thị trường, và điểm khởi đầu này giúp khuếch đại vectơ trong tế bào chủ. Nếu vectơ chọn lọc không chứa điểm khởi đầu tái bản, thì vectơ này có thể được tổng hợp hóa học dựa trên một trình tự đã biết, và được nối vào vectơ này. Ví

dụ, điểm khởi đầu tái bản từ plasmit pBR322 (New England Biolabs, Beverly, MA) là thích hợp đối với hầu hết vi khuẩn gram âm, và các điểm khởi đầu khác của virut (*ví dụ,* SV40, polyoma, adenovirut, virut gây bệnh viêm miệng mụn nước (VSV), hoặc papillomavirut như HPV hoặc BPV) là hữu dụng cho các vectơ tách dòng trong tế bào của động vật có vú. Nói chung, thành phần điểm khởi đầu tái bản là không cần thiết cho các vectơ biểu hiện của động vật có vú (ví dụ, điểm khởi đầu SV40 thường được sử dụng chỉ vì nó cũng chứa trình tự khởi đầu sớm của virut).

Trình tự kết thúc phiên mã thường được bố trí nằm ở đầu 3′ đến đầu của vùng mã hóa polypeptit và đóng vai trò kết thúc quá trình phiên mã. Thông thường, trình tự kết thúc phiên mã trong tế bào chưa có nhân thực là một đoạn giàu G-C sau đó là trình tự poly-T. Mặc dù trình tự này có thể dễ dàng được tách dòng từ một thư viện hoặc thậm chí được mua trên thị trường dưới dạng một phần của vectơ, song nó cũng có thể dễ dàng được tổng hợp bằng các phương pháp tổng hợp axit nucleic như các phương pháp được mô tả ở đây.

Gen chỉ thị chọn lọc mã hóa một protein cần cho sự sống sót và phát triển của một tế bào chủ được nuôi cấy trong môi trường nuôi cấy chọn lọc. Các gen chỉ thị chọn lọc tiêu biểu mã hóa protein mà (a) có tính kháng các chất kháng sinh hoặc các độc tố khác, *ví dụ,* ampixilin, tetraxyclin, hoặc kanamyxin đối với các tế bào chủ chưa có nhân thực; (b) bổ sung các thiếu hụt khuyết dưỡng cho tế bào; hoặc (c) cung cấp các chất dinh dưỡng cần thiết không có trong phức hợp hoặc môi trường xác định. Các chất chỉ thị chọn lọc đặc hiệu là gen kháng kanamyxin, gen kháng ampixilin, và gen kháng tetraxyclin. Thuận lợi là, gen kháng neomyxin cũng có thể được sử dụng để chọn lọc cả tế bào chủ có nhân thực và không có nhân thực.

Các gen chọn lọc khác có thể được sử dụng để khuếch đại gen sẽ được biểu hiện. Khuếch đại là quá trình trong đó các gen cần cho sự tổng hợp protein quan trọng đối với sự phát triển hoặc sự sống của tế bào được lặp lại liên tục trong các nhiễm sắc thể của các thế hệ kế tiếp của các tế bào tái tổ hợp. Ví dụ về các chất chỉ thị chọn lọc thích hợp dùng cho các tế bào của động vật có vú bao gồm các gen dihydrofolat reductaza (DHFR) và thyrnidin kinaza không thúc đẩy. Các thể biến nạp của tế bào động vật có vú được chọn lọc trong đó chỉ các tế bào biến nạp thích nghi được để sống sót nhờ gen chọn lọc có mặt trong vectơ. Áp lực chọn lọc được quy định là nuôi cấy các tế bào đã biến nạp trong các điều kiện trong đó nồng độ của chất chọn lọc trong môi trường được tăng dần, nhờ đó

dẫn đến việc khuếch đại cả gen chọn lọc và ADN mà mã hóa một gen khác, như protein gắn kết kháng nguyên mà gắn kết với polypeptit GIPR. Kết quả là, lượng polypeptit như protein gắn kết kháng nguyên được tổng hợp từ ADN đã khuếch đại gia tăng.

Vị trí gắn kết ribosom thường cần cho sự khởi đầu quá trình dịch mã của mARN và được xác định bởi trình tự Shine-Dalgarno (ở tế bào chưa có nhân thực) hoặc trình tự Kozak (ở tế bào có nhân thực). Vị trí này thường nằm ở đầu 3' của trình tự khởi đầu và ở đầu 5' của trình tự mã hóa của polypeptit được biểu hiện.

Trong một vài trường hợp, như nếu quá trình glycosyl hóa là cần thiết trong hệ biểu hiện tế bào chủ có nhân thực, thì quá trình này có thể điều khiển các tiền trình tự khác nhau để cải thiện quá trình glycosyl hóa hoặc hiệu suất. Ví dụ, quá trình này có thể làm thay đổi vị trí phân cắt bằng peptidaza của peptit tín hiệu cụ thể, hoặc bổ sung các tiền trình tự, mà cũng có thể làm ảnh hưởng đến quá trình glycosyl hóa. Sản phẩm protein cuối cùng có thể có, ở vị trí -1 (so với axit amin thứ nhất của protein trưởng thành), một hoặc nhiều axit amin khác có liên quan đến sự biểu hiện, mà có thể không được loại bỏ hoàn toàn. Ví dụ, sản phẩm protein cuối cùng có thể có một hoặc hai gốc axit amin được tìm thấy ở vị trí phân cắt bằng peptidaza, được gắn với đầu amino. Theo cách khác, việc sử dụng một vài vị trí phân cắt bằng enzym có thể tạo ra dạng hơi cụt của polypeptit mong muốn, nếu enzym này cắt ở vùng như vậy trong polypeptit trưởng thành.

Việc biểu hiện và tách dòng thường bao gồm một trình tự khởi đầu được nhận diện bởi sinh vật chủ và được liên kết động với phân tử mã hóa protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Các trình tự khởi đầu là các trình tự không được phiên mã nằm ở hướng ngược dòng (tức là, 5') so với codon mở đầu của gen cấu trúc (thường có chiều dài nằm trong khoảng từ 100 đến 1000bp) để kiểm soát sự phiên mã của gen cấu trúc. Thông thường, các trình tự khởi đầu được chia thành một trong hai nhóm: trình tự khởi đầu dễ cảm ứng và trình tự khởi đầu cơ bản. Các trình tự khởi đầu dễ cảm ứng giúp khởi đầu quá trình phiên mã từ ADN ở mức cao dưới sự kiểm soát đáp ứng với sự thay đổi về các điều kiện nuôi cấy, như có hoặc không có chất dinh dưỡng hoặc thay đổi về nhiệt độ. Mặt khác, các trình tự khởi đầu cơ bản phiên mã đều một gen mà chúng được liên kết động, tức là, có kiểm soát nhỏ hoặc không kiểm soát sự biểu hiện gen quá mức. Một lượng lớn các trình tự khởi đầu, được nhận diện bởi nhiều loại tế bào chủ tiềm ẩn, là đã biết rõ. Trình tự khởi đầu thích hợp được liên kết động với ADN mã hóa chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR bằng cách loại bỏ trình tự khởi đầu từ ADN nguồn

bằng cách phân cắt bằng enzym giới hạn và gắn trình tự khởi đầu mong muốn vào vectơ này.

Các trình tự khởi đầu thích hợp để sử dụng với các tế bào chủ nấm men là cũng đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Các trình tự tăng cường của nấm men được sử dụng một cách thuận lợi với các trình tự khởi đầu của nấm men. Các trình tự khởi đầu thích hợp để sử dụng với các tế bào chủ của động vật có vú là đã biết rõ và bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các trình tự khởi đầu thu được từ các bộ gen của virut như polyoma virut, virut gây bệnh đậu gà, adenovirut (như Adenovirut 2), virut gây bệnh u nhú ở bò, virut gây bệnh ung thư mô liên kết ở gia cầm, cytomegalovirut, retrovirut, virut gây bệnh viêm gan B, và Simian Virut 40 (SV40). Các trình tự khởi đầu của động vật có vú thích hợp khác bao gồm các trình tự khởi đầu của động vật có vú khác nguồn gốc, ví dụ, các trình tự khởi đầu sốc nhiệt và trình tự khởi đầu actin.

Trình tự tăng cường có thể được gắn vào vectơ để đẩy mạnh quá trình phiên mã của ADN mã hóa chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR bởi các tế bào có nhân thực bậc cao. Các trình tự tăng cường là các yếu tố tác động cis của ADN, thường có chiều dài nằm trong khoảng từ 10 đến 300bp, mà hoạt động trên trình tự khởi đầu để thúc đẩy quá trình phiên mã. Các trình tự tăng cường tương đối độc lập về hướng và vị trí, được phát hiện thấy ở các vị trí ở cả đầu 5' và 3' của đơn vị phiên mã. Một vài trình tự tăng cường sẵn có từ các gen của động vật có vú là đã biết (*ví dụ,* globin, elastaza, albumin, alpha-feto-protein và insulin). Tuy nhiên, thông thường một trình tự tăng cường có nguồn gốc từ virut được sử dụng. Trình tự tăng cường SV40, trình tự tăng cường trình tự khởi đầu sớm từ cytomegalovirut, trình tự tăng cường từ virut polyoma, và các trình tự tăng cường từ adenovirut đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này là các yếu tố tăng cường được lấy làm ví dụ để hoạt hóa các trình tự khởi đầu của tế bào có nhân thực. Mặc dù trình tự tăng cường có thể được bố trí trong vectơ ở đầu 5' hoặc 3' của trình tự mã hóa, song nó thường nằm ở vị trí 5' của trình tự khởi đầu. Một trình tự mã hóa trình tự tín hiệu khác nguồn gốc hoặc nguyên thể thích hợp (trình tự dẫn hoặc peptit tín hiệu) có thể được kết hợp vào vectơ biểu hiện, để thúc đẩy quá trình tiết kháng thể ngoại bào. Việc lựa chọn peptit tín hiệu hoặc trình tự dẫn tùy thuộc vào loại tế bào chủ trong đó kháng thể được tổng hợp, và trình tự tín hiệu khác nguồn gốc có thể thay thế trình tự tín hiệu nguyên thể. Các ví dụ về các peptit tín hiệu mà có chức năng trong các tế bào chủ của động vật có vú bao gồm các trình tự sau: trình tự tín hiệu cho interleukin-7 (IL-7)

được mô tả trong patent Mỹ số 4,965,195; trình tự tín hiệu cho thụ thể interleukin-2 được mô tả trong tài liệu Cosman *et al.*, 1984, *Nature* 312:768; peptit tín hiệu cho thụ thể interleukin-4 được mô tả trong patent châu Âu số 0367 566; peptit tín hiệu cho thụ thể interleukin-1 typ I được mô tả trong patent Mỹ số 4,968,607; peptit tín hiệu cho thụ thể interleukin-1 typ II được mô tả trong patent châu Âu số 0 460 846.

Theo một phương án trình tự dẫn là SEQ ID NO: 3157 (MDMRVPAQLL GLLLLWLRGA RC) mà được mã hóa bởi SEQ ID NO: 3158 (atggacatga gagtgcctgc acagctgctg ggcctgctgc tgctgtggct gagaggcgcc agatgc). Theo một phương án khác trình tự dẫn là SEQ ID NO: 3159 (MAWALLLLTL LTQGTGSWA) mà được mã hóa bởi SEQ ID NO: 3160 (atggcctggg ctctgctgct cctcaccctc ctcactcagg gcacagggtc ctgggcc).

Vectơ biểu hiện được đề cập có thể được tạo ra từ vectơ ban đầu như vectơ sẵn có trên thị trường. Các vectơ này có thể có hoặc không chứa toàn bộ các trình tự bên mong muốn. Nếu một hoặc nhiều trình tự bên được mô tả ở đây không có mặt sẵn trong vectơ, thì chúng có thể được tạo ra và được nối vào vectơ một cách riêng biệt. Các phương pháp được sử dụng để tạo ra mỗi trình tự trong số các trình tự bên là đã biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Sau khi vectơ được tạo ra và phân tử axit nucleic mã hóa chuỗi nhẹ, chuỗi nặng, hoặc chuỗi nhẹ và chuỗi nặng chứa trình tự gắn kết kháng nguyên GIPR đã được gắn vào vị trí thích hợp trong vectơ, vectơ đầy đủ này có thể được đưa vào tế bào chủ thích hợp để khuếch đại và/hoặc biểu hiện polypeptit. Việc biến nạp vectơ biểu hiện protein gắn kết kháng nguyên vào tế bào chủ đã chọn có thể được thực hiện bằng các phương pháp đã biết rõ bao gồm chuyển nhiễm, gây nhiễm, đồng kết tủa bằng canxi phosphat, xung điện, vi tiêm, chuyển nhiễm trên cơ sở lipit, chuyển nhiễm qua trung gian DEAE-dextran, hoặc các kỹ thuật đã biết khác. Phương pháp được chọn một phần sẽ tùy thuộc vào chức năng của loại tế bào chủ được sử dụng. Các phương pháp này và các phương pháp thích hợp khác là đã biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này, và được nêu trong tài liệu, ví dụ, Sambrook *et al.*, 2001, *trên đây*.

Một tế bào chủ, nếu được nuôi cấy trong các điều kiện thích hợp, sẽ tổng hợp protein gắn kết kháng nguyên mà có thể được thu gom sau đó từ môi trường nuôi cấy (nếu tế bào chủ tiết protein này vào môi trường nuôi cấy) hoặc trực tiếp từ tế bào chủ tổng hợp nó (nếu nó không được tiết). Việc chọn tế bào chủ thích hợp sẽ tùy thuộc vào nhiều yếu tố, như mức biểu hiện mong muốn, các cải biến polypeptit mà mong muốn

hoặc cần thiết cho hoạt tính (như glycosyl hóa hoặc phosphoryl hóa) và dễ dàng gấp thành một phân tử có hoạt tính sinh học.

Các dòng tế bào của động vật có vú có thể sử dụng làm các tế bào chủ để biểu hiện là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này và bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các dòng tế bào bất tử sẵn có từ bộ sưu tập chủng nuôi cấy của Mỹ (American Type Culture Collection-ATCC), bao gồm nhưng không chỉ giới hạn ở các tế bào trứng chuột túi má Trung Quốc (Chinese hamster ovary-CHO), các tế bào HeLa, tế bào thận chuột túi má con (baby hamster kidney-BHK), tế bào thận khỉ (COS), tế bào caxinom tế bào gan của người (*ví dụ,* Hep G2), và một số dòng tế bào khác. Theo các phương án nhất định, các dòng tế bào có thể được chọn thông qua việc xác định các dòng tế bào có mức biểu hiện cao và chủ yếu tổng hợp protein gắn kết kháng nguyên với các đặc tính gắn kết với GIPR. Theo một phương án khác, một dòng tế bào từ dòng tế bào B không tổng hợp kháng thể riêng của nó nhưng có khả năng tổng hợp và tiết kháng thể khác nguồn gốc có thể được chọn.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến protein gắn kết kháng nguyên được tổng hợp bởi tế bào biểu hiện một hoặc nhiều polynucleotit nêu trong các Bảng 2, 3, 4, và 5.

Theo một khía cạnh, protein gắn kết GIPR được sử dụng để điều trị bệnh mạn tính. Theo một khía cạnh khác, các protein gắn kết được sử dụng để điều trị bệnh cấp tính.

Dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR cũng được đề cập và có thể được sử dụng trong phương pháp phòng và điều trị bất kỳ trong số các phương pháp phòng và điều trị được mô tả ở đây. Theo một phương án, một lượng hữu hiệu để điều trị của một hoặc nhiều protein gắn kết kháng nguyên và chất pha loãng, chất mang, chất hòa tan, chất nhũ hóa, chất bảo quản, và/hoặc tá dược dược dụng cũng có thể được đề cập. Các nguyên liệu dùng để bào chế chấp nhận được là không độc đối với người nhận ở các liều và nồng độ được sử dụng.

Theo các phương án nhất định, dược phẩm có thể chứa các nguyên liệu bào chế để cải biến, duy trì hoặc bảo quản, ví dụ, độ pH, nồng độ mol, độ nhớt, độ trong, màu, tính đẳng trương, độ đục, độ vô trùng, độ ổn định, tốc độ hòa tan hoặc giải phóng, mức độ hấp thu hoặc thấm của dược phẩm. Theo các phương án này, các nguyên liệu bào chế thích hợp bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, axit amin (như glyxin, glutamin, asparagin, arginin hoặc lysin); các chất kháng khuẩn; chất chống oxy hóa (như axit ascorbic, natri

sulfit hoặc natri hydro-sulfit); dung dịch đệm (như borat, bicacbonat, Tris-HCl, xitrat, phosphat hoặc các axit hữu cơ khác); các chất độn (như manitol hoặc glyxin); chất tạo chelat (như axit etylendiamin tetraaxetic (EDTA)); các chất tạo phức (như cafein, polyvinylpyrolidon, beta-xyclodextrin hoặc hydroxypropyl-beta-xyclodextrin); các chất làm đầy; monosacarit; disacarit; và các cacbohydrat khác (như glucoza, manoza hoặc dextrin); protein (như albumin huyết thanh, gelatin hoặc globulin miễn dịch); chất tạo màu, chất điều vị và chất pha loãng; chất nhũ hóa; polyme ưa nước (như polyvinylpyrolidon); polypeptit trọng lượng phân tử thấp; các ion đối tạo muối (như natri); chất bảo quản (như benzalkoni clorua, axit benzoic, axit salixylic, thimerosal, rượu phenetyl, metylparaben, propylparaben, chlorhexidin, axit sorbic hoặc hydro peroxit); các dung môi (như glyxerin, propylen glycol hoặc polyetylen glycol); rượu đường (như manitol hoặc sorbitol); các chất tạo hỗn dịch; các chất hoạt động bề mặt hoặc các chất làm ẩm (như pluronic, PEG, este sorbitan, polysorbat như polysorbat 20, polysorbat, triton, tromethamin, lexithin, cholesterol, tyloxapal); các chất làm tăng độ ổn định (như sucroza hoặc sorbitol); các chất làm tăng cường tính trương (như halogenua kim loại kiềm, tốt hơn là natri hoặc kali clorua, manitol sorbitol); các chất dẫn phân phối; các chất pha loãng; các tá dược và/hoặc tá dược dược dụng. REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, 18" Edition, (A.R. Genrmo, ed.), 1990, Mack Publishing Company mô tả chi tiết hơn và lựa chọn các chất thích hợp mà có thể được kết hợp vào dược phẩm.

Theo các phương án nhất định, dược phẩm tối ưu sẽ được xác định bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này tùy thuộc vào, ví dụ, đường dùng dự định, kiểu phân phối và liều dùng mong muốn. Xem tài liệu, ví dụ, REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, *trên đây*. Theo các phương án nhất định, các thành phần như vậy có thể làm ảnh hưởng đến trạng thái vật lý, độ ổn định, tốc độ giải phóng *in vivo* và tốc độ thanh thải *in vivo* của protein gắn kết kháng nguyên được mô tả. Theo các phương án nhất định, chất dẫn hoặc chất mang chủ yếu trong dược phẩm có thể có bản chất chứa nước hoặc không chứa nước. Ví dụ, chất dẫn hoặc chất mang thích hợp có thể là nước để tiêm hoặc dung dịch nước muối sinh lý. Theo các phương án nhất định, chế phẩm protein gắn kết kháng nguyên GIPR có thể được bào chế để bảo quản bằng cách trộn thành phần được chọn có mức độ tinh khiết mong muốn với các chất dùng để bào chế tùy ý (REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES, *trên đây*) ở dạng bánh

đông khô hoặc dung dịch chứa nước. Hơn nữa, theo các phương án nhất định, protein gắn kết kháng nguyên GIPR có thể được bào chế ở dạng sản phẩm đông khô sử dụng các tá dược thích hợp như sucroza.

Dược phẩm có thể được chọn để phân phối ngoài đường tiêu hóa. Theo cách khác, dược phẩm có thể được chọn để dùng xông hít hoặc để phân phối qua đường tiêu hóa, như dùng qua đường miệng. Quy trình bào chế các dược phẩm dược dụng như vậy là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Các thành phần dùng trong bào chế tốt hơn là có mặt ở nồng độ mà chấp nhận được ở vị trí sử dụng. Theo các phương án nhất định, các dung dịch đệm được sử dụng để duy trì chế phẩm ở độ pH sinh lý hoặc ở độ pH thấp hơn một chút, thông thường ở độ pH nằm trong khoảng từ 5 đến 8.

Nếu sử dụng ngoài đường tiêu hóa được đề cập, thì các chế phẩm dùng để điều trị có thể được đề cập ở dạng dung dịch chứa nước có thể chấp nhận được ngoài đường tiêu hóa, không chứa chất gây sốt chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR của người mong muốn trong chất dẫn dược dụng. Chất dẫn thích hợp cụ thể để tiêm ngoài đường tiêu hóa là nước cất vô trùng trong đó protein gắn kết kháng nguyên GIPR được bào chế ở dạng dung dịch đẳng trương, vô trùng, được bảo quản thích hợp. Theo các phương án nhất định, quy trình bào chế có thể bao gồm bào chế phân tử mong muốn với một chất, như các vi cầu có thể tiêm được, các hạt dễ bị ăn mòn sinh học, các hợp chất polyme (như axit polylactic hoặc axit polyglycolic), các hạt hoặc các liposom, mà có thể tạo ra sự giải phóng hoạt chất kéo dài hoặc có kiểm soát có thể được phân phối thông qua thuốc tiêm ngấm dần. Theo các phương án nhất định, axit hyaluronic cũng có thể được sử dụng, có tác dụng thúc đẩy thời gian tồn tại kéo dài trong hệ tuần hoàn. Theo các phương án nhất định, các thiết bị phân phối dược chất có thể cấy được cũng có thể được sử dụng để đưa protein gắn kết kháng nguyên mong muốn vào cơ thể.

Các dược phẩm nhất định được bào chế để xông hít. Theo một vài phương án, protein gắn kết kháng nguyên GIPR được bào chế ở dạng bột khô xông hít được. Theo các phương án cụ thể, các dung dịch xông hít chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR cũng có thể được bào chế với một chất đẩy để phân phối kiểu phun mù. Theo các phương án nhất định, các dung dịch có thể được phun. Do đó các phương pháp bào chế và sử dụng cho phổi còn được mô tả trong đơn quốc tế số PCT/US94/001875, mà được đưa vào đây bằng cách viện dẫn và mô tả sự phân phối protein được cải biến về mặt hóa học đến

phổi. Một vài chế phẩm có thể được sử dụng qua đường miệng. Các protein gắn kết kháng nguyên GIPR được sử dụng theo cách này có thể được bào chế cùng với hoặc không cùng với chất mang thường được sử dụng để bào chế các dạng liều rắn như viên nén và viên nang. Theo các phương án nhất định, viên nang có thể được thiết kế để giải phóng phần có hoạt tính của chế phẩm ở thời điểm trong đường dạ dày ruột khi sinh khả dụng được làm tối đa và sự phân hủy qua gan lần đầu được giảm tối thiểu. Các chất khác có thể được bao gồm để tạo điều kiện thuận lợi cho việc hấp thu protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Các chất pha loãng, chất điều vị, sáp có điểm nóng chảy thấp, dầu thực vật, chất làm trơn, chất tạo hỗn dịch, chất gây rã viên nén, và các chất kết dính cũng có thể được sử dụng.

Một vài dược phẩm chứa một lượng hữu hiệu của một hoặc nhiều protein gắn kết kháng nguyên GIPR kết hợp với các tá dược không độc thích hợp để bào chế viên nén. Bằng cách hòa tan viên nén trong nước vô trùng, hoặc chất dẫn thích hợp khác, các dung dịch có thể được bào chế ở dạng liều đơn vị. Các tá dược thích hợp bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các chất pha loãng trơ, như canxi cacbonat, natri cacbonat hoặc bicacbonat, lactoza, hoặc canxi phosphat; hoặc các chất kết dính, như tinh bột, gelatin, hoặc acaxia; hoặc chất làm trơn như magie stearat, axit stearic, hoặc bột talc.

Các dạng dược phẩm khác là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này, bao gồm các chế phẩm bao gồm protein gắn kết GIPR trong các chế phẩm phân phối kéo dài hoặc có kiểm soát. Các kỹ thuật bào chế nhiều loại phân phối kéo dài hoặc có kiểm soát khác, như chất mang liposom, các vi hạt dễ ăn mòn sinh học hoặc các hạt xốp và thuốc tiêm ngấm dần, cũng đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này. Xem tài liệu, ví dụ, đơn quốc tế số PCT/US93/00829, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn và mô tả sự giải phóng các vi hạt dạng polyme xốp có kiểm soát để phân phối các dược phẩm. Các chế phẩm giải phóng kéo dài có thể bao gồm cốt polyme bán thấm ở dạng sản phẩm được tạo hình, *ví dụ,* màng, hoặc vi nang. Các cốt giải phóng kéo dài có thể bao gồm polyeste, hydrogel, polylactit (như được mô tả trong patent Mỹ số 3,773,919 và công bố đơn yêu cầu cấp patent châu Âu số EP 058481, mỗi tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn), các copolyme của axit L-glutamic và gama etyl-L-glutamat (Sidman *et al.*, 1983, *Biopolymers* 2:547-556), poly (2-hydroxyetyl-inetacrylat) (Langer *et al.*, 1981, *J. Biomed. Mater. Res.* 15:167-277 và Langer, 1982, *Chem. Tech.* 12:98-105), etylen vinyl

axetat (Langer *et al.*, 1981, *trên đây*) hoặc axit poly-D(-)-3-hydroxybutyric (công bố đơn yêu cầu cấp patent châu Âu số EP 133,988). Các chế phẩm giải phóng kéo dài cũng có thể bao gồm các liposom mà có thể được bào chế bằng phương pháp bất kỳ trong số một vài phương pháp đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. *Xem tài liệu, ví dụ,* Eppstein *et al.*, 1985, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 82:3688-3692; công bố đơn yêu cầu cấp patent châu Âu số EP 036,676; EP 088,046 và EP 143,949, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Các dược phẩm được sử dụng để dùng *in vivo* thường được bào chế ở dạng các chế phẩm vô trùng. Quá trình làm vô trùng có thể được thực hiện bằng cách lọc qua màng lọc vô trùng. Nếu chế phẩm được đông khô, thì quá trình vô trùng sử dụng phương pháp này có thể được thực hiện trước hoặc sau khi đông khô và hoàn nguyên. Các chế phẩm để dùng ngoài đường tiêu hóa có thể được bảo quản ở dạng đã đông khô hoặc ở dạng dung dịch. Các chế phẩm dùng ngoài đường tiêu hóa thường được đựng trong một đồ chứa có nắp tiếp cận vô trùng, ví dụ, túi dung dịch dùng trong tĩnh mạch hoặc lọ có nút có thể xuyên qua bằng kim tiêm dưới da.

Trong các chế phẩm nhất định, protein gắn kết kháng nguyên có nồng độ ít nhất là 10mg/mL, 20mg/mL, 30mg/mL, 40mg/mL, 50mg/mL, 60mg/mL, 70mg/mL, 80mg/mL, 90mg/mL, 100 mg/mL hoặc 150 mg/mL. Theo một phương án, dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên, chất đệm và polysorbat. Theo phương án khác, dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên, chất đệm, sucroza và polysorbat. Một ví dụ về dược phẩm là dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên với lượng nằm trong khoảng từ 50 đến 100mg/mL, natri axetat với lượng nằm trong khoảng từ 5 đến 20mM, sucroza với lượng nằm trong khoảng từ 5 đến 10% trọng lượng/thể tích, và polysorbat với lượng nằm trong khoảng từ 0,002 đến 0,008% trọng lượng/thể tích. Các chế phẩm nhất định, ví dụ, chứa protein gắn kết kháng nguyên với lượng nằm trong khoảng từ 65 đến 75mg/mL trong dung dịch đệm natri axetat có nồng độ nằm trong khoảng từ 9 đến 11mM, sucroza với lượng nằm trong khoảng từ 8 đến 10% trọng lượng/thể tích, và polysorbat với lượng nằm trong khoảng từ 0,005 đến 0,006% trọng lượng/thể tích. Độ pH của các chế phẩm như vậy là nằm trong khoảng từ 4,5 đến 6. Các chế phẩm khác có độ pH nằm trong khoảng từ 5,0 đến 5,5 (ví dụ, pH bằng 5,0, 5,2 hoặc 5,4).

Một khi dược phẩm đã được bào chế, dược phẩm này có thể được bảo quản trong các lọ vô trùng dưới dạng dung dịch, hỗn dịch, gel, nhũ tương, chất rắn, tinh thể, hoặc dưới dạng bột được khử nước hoặc được đông khô. Các chế phẩm như vậy có thể được

bảo quản ở dạng chuẩn bị sẵn để dùng hoặc ở dạng (*ví dụ,* được đông khô) mà được hoàn nguyên trước khi dùng. Kit để cung cấp đơn vị dùng ở dạng liều đơn cũng được đề xuất. Các kit nhất định bao gồm đồ chứa thứ nhất đựng protein đã sấy khô và đồ chứa thứ hai đựng chế phẩm chứa nước. Theo các phương án nhất định, kit chứa bơm tiêm nạp sẵn một và nhiều ngăn (*ví dụ,* bơm tiêm chất lỏng và bơm tiêm đông khô) được đề xuất. Lượng hữu hiệu để điều trị của dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR được sử dụng sẽ tùy thuộc vào trường hợp điều trị và các mục đích điều trị chẳng hạn. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này sẽ hiểu rằng mức liều thích hợp để điều trị sẽ khác nhau một phần tùy thuộc vào phân tử được phân phối, chỉ định mà protein gắn kết kháng nguyên GIPR được sử dụng, đường dùng, kích thước cơ thể (thể trọng, bề mặt cơ thể hoặc kích thước cơ quan) và/hoặc tình trạng bệnh (độ tuổi và tình trạng sức khỏe chung) của bệnh nhân. Theo các phương án nhất định, bác sỹ điều trị có thể hiệu chỉnh liều và thay đổi đường dùng để thu được tác dụng điều trị tối ưu.

Tần suất dùng liều sẽ tùy thuộc vào các thông số dược động học của protein gắn kết kháng nguyên GIPR cụ thể trong chế phẩm được sử dụng. Thông thường, bác sỹ điều trị sử dụng chế phẩm cho đến khi đạt được liều điều trị để thu được tác dụng mong muốn. Do đó, chế phẩm có thể được sử dụng ở dạng liều đơn, hoặc ở dạng hai hoặc nhiều liều (mà có thể có hoặc không chứa lượng phân tử mong muốn này) theo thời gian, hoặc ở dạng truyền liên tục qua thiết bị cấy hoặc ống thông. Các dạng liều thích hợp có thể được xác định bằng cách sử dụng dữ liệu đáp ứng liều thích hợp. Theo các phương án nhất định, protein gắn kết kháng nguyên có thể được sử dụng cho các bệnh nhân trong một giai đoạn kéo dài. Theo các phương án nhất định, protein gắn kết kháng nguyên được dùng hai tuần một lần, mỗi tháng một lần, hai tháng một lần, ba tháng một lần, bốn tháng một lần, năm tháng một lần, hoặc sáu tháng một lần.

Đường dùng dược phẩm là phù hợp với các phương pháp đã biết, *ví dụ,* dùng qua đường miệng, bằng cách tiêm tĩnh mạch, trong màng bụng, trong não (trong nhu mô), trong não thất, trong cơ, trong mắt, trong động mạch, trong tĩnh mạch cửa, hoặc trong tổn thương; nhờ hệ giải phóng kéo dài hoặc bằng thiết bị cấy. Theo các phương án nhất định, các chế phẩm có thể được sử dụng bằng cách tiêm tĩnh mạch nhanh hoặc truyền liên tục, hoặc bằng thiết bị cấy.

Chế phẩm này cũng có thể được sử dụng khu trú bằng cách cấy màng, vật xốp hoặc vật liệu thích hợp khác mà phân tử mong muốn đã được hấp thu hoặc được bao

nang trên đó. Theo các phương án nhất định, nếu thiết bị cấy được sử dụng, thì thiết bị này có thể được cấy vào mô hoặc cơ quan thích hợp bất kỳ, và phân tử mong muốn có thể được phân phối nhờ khuếch tán, tiêm tĩnh mạch nhanh giải phóng theo thời gian, hoặc sử dụng liên tục.

Cũng có thể mong muốn sử dụng dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR theo phương pháp sử dụng ngoài cơ thể sống được mô tả. Trong các trường hợp như vậy, các tế bào, mô hoặc cơ quan mà được lấy từ bệnh nhân được tiếp xúc với dược phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR sau khi mà các tế bào, các mô và/hoặc các cơ quan được cấy trở lại vào bệnh nhân.

Bác sỹ điều trị có thể chọn chỉ định điều trị thích hợp và lượng lipit đích tùy thuộc vào từng profin của từng bệnh nhân. Một tài liệu chuẩn đã được chấp nhận rộng rãi để hướng dẫn điều trị bệnh tăng lipit huyết là Third Report of the National Cholesterol Education Program (NCEP) Expert Panel on Detection, Evaluation, và Treatment of the High Blood Cholesterol in Adults (Adult Treatment Panel III) Final Report, National Institutes of Health, NIH Publication No. 02-5215 (2002), công bố của tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Hiệu quả của một liều cụ thể có thể được đánh giá dựa vào các chỉ thị sinh học hoặc sự cải thiện các thông số sinh lý nhất định. Ví dụ về các chỉ thị sinh học thích hợp bao gồm, tỷ lệ của cholesterol tự do so với lượng lipit trong huyết tương, tỷ lệ cholesterol tự do so với protein màng, tỷ lệ phospatidylcholin so với sphingomyelin, hoặc các lượng HDL-C.

Cũng được đề cập ở đây là các chế phẩm chứa protein gắn kết kháng nguyên GIPR và một hoặc nhiều chất điều trị khác, cũng như là các phương pháp trong đó các chất này được sử dụng đồng thời với hoặc sau khi sử dụng protein gắn kết kháng nguyên GIPR trong các phương pháp phòng và điều trị được mô tả ở đây. Một hoặc nhiều chất khác có thể được đồng bào chế với protein gắn kết kháng nguyên GIPR hoặc có thể được đồng sử dụng với protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Nói chung, các phương pháp điều trị, chế phẩm và hợp chất cũng có thể được sử dụng kết hợp với các chất điều trị khác để điều trị các trình trạng bệnh khác nhau, trong đó các chất khác này được sử dụng đồng thời.

Theo một khía cạnh sáng chế mô tả phương pháp điều trị đối tượng bị rối loạn chuyển hóa, trong đó phương pháp này bao gồm cho đối tượng sử dụng một lượng hữu

hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và một lượng hữu hiệu để điều trị của chất đối kháng GIPR mà gắn kết đặc hiệu với protein có trình tự axit amin có ít nhất 90% trình tự axit amin đồng nhất với trình tự axit amin của GIPR.

"Chất chủ vận thụ thể GLP-1" được dùng để chỉ hợp chất có hoạt tính thụ thể GLP-1. Các hợp chất được lấy làm ví dụ như vậy bao gồm exendin, chất tương tự exendin, chất chủ vận exendin, GLP-1(7-37), chất tương tự GLP-1(7-37), chất chủ vận GLP-1(7-37), và chất tương tự. Các hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 có thể tùy ý được amit hóa. Các thuật ngữ "chất chủ vận thụ thể GLP-1" và "hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1" có nghĩa như nhau.

Thuật ngữ "exendin" bao gồm các peptit exendin có nguồn gốc trong tự nhiên (hoặc các phiên bản tổng hợp của exendin có nguồn gốc trong tự nhiên) được tìm thấy trong các dịch tiết nước bọt của quái vật Gila. Exendin đặc biệt quan tâm bao gồm exendin-3 và exendin-4. Các exendin, chất tương tự exendin, và các chất chủ vận exendin để dùng trong các phương pháp được mô tả ở đây có thể tùy ý được amit hóa, và cũng có thể ở dạng axit, dạng muối dược dụng, hoặc dạng có hoạt tính sinh lý khác của phân tử này.

Theo một phương án, tỷ lệ mol của chất chủ vận thụ thể GLP-1 so với chất đối kháng GIPR là nằm trong khoảng từ 1:1 đến 1:110, 1:1 đến 1:100, 1:1 đến 1:75, 1:1 đến 1:50, 1:1 đến 1:25, 1:1 đến 1:10, 1:1 đến 1:5, và 1:1. Theo một phương án, tỷ lệ mol của chất đối kháng GIPR so với chất chủ vận thụ thể GLP-1 là nằm trong khoảng từ 1:1 đến 1:110, 1:1 đến 1:100, 1:1 đến 1:75, 1:1 đến 1:50, 1:1 đến 1:25, 1:1 đến 1:10, và 1:1 đến 1:5.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 được sử dụng kết hợp với chất đối kháng GIPR ở tỷ lệ mol hữu hiệu để điều trị nằm trong khoảng từ 1:1,5 đến 1:150, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 1:2 đến 1:50.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR có mặt với liều thấp hơn liều của mỗi hợp chất được dùng một mình để điều trị bệnh và/hoặc tình trạng bệnh ít nhất từ 1,1 đến 1,4, 1,5, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, hoặc 10 lần.

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 là GLP-1(7-37) hoặc chất tương tự GLP-1(7-37).

Theo một phương án, chất chủ vận thụ thể GLP-1 được chọn từ nhóm bao gồm exenatide, liraglutide, lixisenatide, albiglutide, dulaglutide, semaglutide, và taspoglutide.

Theo một khía cạnh sáng chế mô tả phương pháp điều trị bao gồm cho đối tượng sử dụng một lượng hữu hiệu để điều trị của ít nhất một chất chủ vận thụ thể GLP-1 kết hợp với sử dụng ít nhất một chất đối kháng GIPR mà sau khi cho đối tượng có triệu chứng rối loạn chuyển hóa sử dụng đã thu được tác dụng có lợi kéo dài.

Theo một phương án, việc sử dụng ít nhất một chất chủ vận thụ thể GLP-1 kết hợp với sử dụng ít nhất một chất đối kháng GIPR đã thu được các tác dụng có lợi kéo dài đối với ít nhất một triệu chứng của rối loạn chuyển hóa.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR được kết hợp với nhau trước khi cho đối tượng sử dụng.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR được sử dụng liên tiếp cho đối tượng.

Theo một phương án, lượng hữu hiệu để điều trị của chất chủ vận thụ thể GLP-1 và chất đối kháng GIPR là các lượng có tác dụng hiệp đồng.

Exendin-4 (HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIEWLKNGGPSSGAPPPS-NH_2 (SEQ ID NO: 3163)) là một peptit được tìm thấy trong nước bọt của quái vậtGila, *Heloderma suspectum*; và exendin-3 (HSDGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIEWLKNGGPSSGAPPPS-NH_2(SEQ ID NO: 3164)) là một peptit được tìm thấy trong nước bọt của thằn lằn bi, *Heloderma horridum*. Exendin có trình tự axit amin tương đồng với một vài thành viên của họ peptit giống glucagon (GLP). Ví dụ, exendin-4 có khoảng 53% trình tự đồng nhất với peptit giống glucagon 1 (GLP-1)(7-37) (HAEGTFTSDVSSYLEGQAAKEFIAWLVKGRG (SEQ ID NO: 3184)). Tuy nhiên, exendin-4 được phiên mã từ một gen khác biệt, không phải dạng tương đồng của gen tiền glucagon của động vật có vú thuộc quái vật Gila mà GLP-1 được biểu hiện. Ngoài ra, exendin-4 không phải là một chất tương tự của GLP-1(7-37) bởi vì cấu trúc của peptit exendin-4 tổng hợp không được tạo ra bởi sự cải biến cấu trúc GLP-1 sau đó. Nielsen et al., *Current Opinion in Investigational Drugs*, 4(4):401-405 (2003).

Exendin-4 tổng hợp, cũng được biết đến là exenatide, là sẵn có trên thị trường ở dạng BYETTA® (Amylin Pharmaceuticals, Inc. và Eli Lilly và Company). Chế phẩm chứa exenatide dùng một lần một tuần được bộc lộ trong công bố đơn quốc tế số WO 2005/102293, công bố này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

"Chất tương tự exendin" được dùng để chỉ các peptit mà có hoạt tính sinh học của peptit đối chứng exendin, tốt hơn là có hiệu lực bằng hoặc lớn hơn peptit đối chứng exendin (ví dụ, exendin-4), hoặc độ lớn (cộng hoặc trừ) về hiệu quả so với peptit đối chứng exendin bằng năm lần, khi được đánh giá bằng các phương pháp đánh giá đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này như gắn kết với thụ thể và/hoặc các nghiên cứu cạnh tranh như được mô tả trong tài liệu, ví dụ, Hargrove et al., *Regulatory Peptits*, 141:113-119 (2007), được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Tốt hơn là, các chất tương tự exendin sẽ gắn kết với ái lực nhỏ hơn 1μM trong các thử nghiệm này, và tốt hơn nữa là với ái lực nhỏ hơn 3nM, nhỏ hơn 1nM, hoặc nhỏ hơn 0,1nM. Thuật ngữ "chất tương tự exendin" cũng có thể được dùng để chỉ là "chất chủ vận exendin". Theo một phương án được ưu tiên, chất tương tự exendin là chất tương tự exendin-4.

Các chất tương tự exendin cũng bao gồm các peptit được mô tả ở đây mà đã được tạo dẫn xuất hoặc được thay đổi bằng phương pháp hóa học, ví dụ, peptit có gốc axit amin không tự nhiên (ví dụ, taurin, gốc β-axit amin, gốc γ-axit amin, và gốc D-axit amin), các cải biến nhóm chức ở đầu C, như các cải biến amit, este, và keton ở đầu C và các cải biến nhóm chức ở đầu N, như amin được axyl hóa, bazơ Schiff, hoặc sự đóng vòng, như được phát hiện thấy, ví dụ, trong axit amin axit pyroglutamic. Các chất tương tự exendin cũng có thể chứa các gốc hóa học khác, như các phân tử bắt chước peptit.

Các exendin được lấy làm ví dụ và các chất tương tự exendin bao gồm exendin-4 (SEQ ID NO: 3163); exendin-3 (SEQ ID NO: 3164); Leu^{14}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3165); Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3166); Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3167); exendin-4(1-30) (SEQ ID NO: 3168); Leu^{14}-exendin-4(1-30) (SEQ ID NO: 3169); Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4(1-30) (SEQ ID NO: 3170); Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4(1-30) (SEQ ID NO: 3171); exendin-4(1-28) (SEQ ID NO: 3172); Leu^{14}-exendin-4(1-28) (SEQ ID NO: 3173); Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4(1-28) (SEQ ID NO: 3174); Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4 (1-28) (SEQ ID NO: 3175); Leu^{14},$Lys^{17,20}$,Ala^{19},Glu^{21},Phe^{25},Gln^{28}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3176); Leu^{14},$Lys^{17,20}$,Ala^{19},Glu^{21},Gln^{28}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3177); $octylGly^{14}$,Gln^{28}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3178); Leu^{14},Gln^{28},$octylGly^{34}$-exendin-4 (SEQ ID NO: 3179); Phe^{4},Leu^{14},Gln^{28},Lys^{33},Glu^{34}, $Ile^{35,36}$,Ser^{37}-exendin-4(1-37) (SEQ ID NO: 3180); Phe^{4},Leu^{14},$Lys^{17,20}$,Ala^{19},Glu^{21},Gln^{28}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3181); Val^{11},Ile^{13},Leu^{14},Ala^{16},Lys^{21},Phe^{25}-exendin-4 (SEQ ID NO: 3182); exendin-4-Lys^{40} (SEQ

ID NO: 3183); lixisenatide (Sanofi-Aventis/Zealand Pharma); CJC-1134 (ConjuChem, Inc.); [N^e-(17-carboxyheptadecanoic acid)Lys^{20}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3208); [N^e-(17-carboxyhepta-decanoyl)Lys^{32}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3209); [desamino-His^1,N^e-(17-carboxyheptadecanoyl)Lys^{20}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3210); [$Arg^{12,27}$,NLe^{14},N^e-(17-carboxy-heptadecanoyl)Lys^{32}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3211); [N^e-(19-carboxy-nonadecanoylamino)Lys^{20}]-exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3212); [N^e-(15-carboxypentadecanoylamino)Lys^{20}]-exendin-4-NH_2(SEQ ID NO: 3213); [N^e-(13-carboxytridecanoylamino)Lys^{20}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3214); [N^e-(11-carboxy-undecanoyl-amino)Lys^{20}]exendin-4-NH_2 (SEQ ID NO: 3215); exendin-4-Lys^{40}(e-MPA)-NH_2 (SEQ ID NO: 3216); exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-AEEA-MPA)-NH_2 (SEQ ID NO: 3217); exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-MPA)-NH_2 (SEQ ID NO: 3218); exendin-4-Lys^{40}(e-MPA)-albumin (SEQ ID NO: 3219); exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-AEEA-MPA)-albumin (SEQ ID NO: 3220); exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-MPA)-albumin (SEQ ID NO: 3221); và chất tương tự. AEEA được dùng để chỉ axit [2-(2-amino)etoxy)]axetic. EDA được dùng để chỉ etylendiamin. MPA được dùng để chỉ axit maleimidopropionic. Exendin vàc các chất tương tự exendin có thể tùy ý được amit hóa.

Theo một phương án, hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 là một chất tương tự exendin-4 mà có ít nhất 80% trình tự đồng nhất với exendin-4 (SEQ ID NO: 3163); ít nhất 85% trình tự đồng nhất với exendin-4 (SEQ ID NO: 3163); ít nhất 90% trình tự đồng nhất với exendin-4 (SEQ ID NO: 3163); hoặc ít nhất 95% trình tự đồng nhất với exendin-4 (SEQ ID NO: 3163).

Các exendin và các chất tương tự exendin khác hữu dụng trong các phương pháp được mô tả ở đây bao gồm các chất được mô tả trong công bố đơn quốc tế số WO 98/05351; WO 99/07404; WO 99/25727; WO 99/25728; WO 99/40788; WO 00/41546; WO 00/41548; WO 00/73331; WO 01/51078; WO 03/099314; Patent Mỹ số 6,956,026; Patent Mỹ số 6,506,724; Patent Mỹ số 6,703,359; Patent Mỹ số 6,858,576; Patent Mỹ số 6,872,700; Patent Mỹ số 6,902,744; Patent Mỹ số 7,157,555; Patent Mỹ số 7,223,725; Patent Mỹ số 7,220,721; công bố đơn Mỹ số 2003/0036504; và công bố đơn Mỹ số 2006/0094652, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn

"Các chất tương tự GLP-1(7-37)" được dùng để chỉ các peptit mà tạo ra hoạt tính sinh học tương tự với hoạt tính sinh học của GLP-1(7-37), nếu được đánh giá bằng các phương pháp đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này như các thử nghiệm gắn kết với thụ thể

hoặc các thử nghiệm lượng glucoza trong máu in vivo như được mô tả, ví dụ, trong tài liệu Hargrove et al., *Regulatory Peptits,* 141:113-119 (2007), tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn. Theo một phương án, thuật ngữ "chất tương tự GLP-1(7-37)" được dùng để chỉ một peptit mà có trình tự axit amin có 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 hoặc 8 thay thế axit amin, thêm axit amin, loại bỏ axit amin, hoặc tổ hợp của hai hoặc nhiều kiểu trên, khi so với trình tự axit amin của GLP-1(7-37). Theo một phương án, chất tương tự GLP-1(7-37) là GLP-1(7-36)-NH_2. Các chất tương tự GLP-1(7-37) bao gồm các dạng được amit hóa, dạng axit, dạng muối dược dụng, và dạng có hoạt tính sinh lý khác của phân tử.

GLP-1(7-37) và các chất tương tự GLP-1(7-37) được lấy làm ví dụ bao gồm GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184); GLP-1(7-36)-NH_2 (SEQ ID NO: 3185); liraglutide (VICTOZA® từ Novo Nordisk); albiglutide (SYNCRIA® từ GlaxoSmithKline); taspoglutide (Hoffman La-Roche); dulaglutide (cũng được biết đến là LY2189265; Eli Lilly và công ty); LY2428757 (Eli Lilly và công ty); desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-37) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3222); desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-octanoyl)-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3223); $Arg^{26,34}$,Lys^{38}(N^{ε}-(ω-carboxypentadecanoyl))-GLP-1(7-38) (SEQ ID NO: 3224); $Arg^{26,34}$,Lys^{36}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-36) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3225); $Aib^{8,35}$,$Arg^{26,34}$,Phe^{31}-GLP-1(7-36)) (SEQ ID NO: 3186); $HXaa_8EGTFTSDVSSYLEXaa_{22}Xaa_{23}AAKEFIXaa_{30}WLXaa_{33}Xaa_{34}G\ Xaa_{36}Xaa_{37}$; trong đó Xaa_3 là A, V, hoặc G; Xaa_{22} là G, K, hoặc E; Xaa_{23} là Q hoặc K; Xaa_{30} là A hoặc E; Xaa_{33} là V hoặc K; Xaa_{34} là K, N, hoặc R; Xaa_{36} là R hoặc G; và Xaa_{37} là G, H, P, hoặc không có (SEQ ID NO: 3187); Arg^{34}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3188); Glu^{30}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3189); Lys^{22}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3190); $Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3191); Val^8,Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3192); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3193); Val^8,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3194); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3195); Val^8,Glu^{22},$Gly^{36}Pro^{37}$-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3196); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Lys^{33}, Asn^{34},Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3197); Val^8,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34},Gly^{36},Pro^{37}-GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3198); $Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3199); Val^8,Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3200); Val^8,Glu^{22},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-36) (SEQ ID NO: 3201); $Gly^{8,36}$,Glu^{22},Asn^{34}-GLP-1(7-

36) (SEQ ID NO: 3202). Mỗi trong số GLP-1(7-37) và chất tương tự GLP-1(7-37) có thể tùy ý được amit hóa.

Theo một phương án, GLP-1(7-37) hoặc chất tương tự GLP-1(7-37) được liên kết cộng hóa trị (trực tiếp hoặc bằng nhóm liên kết) với phần Fc của globulin miễn dịch (ví dụ, IgG, IgE, IgG, và dạng tương tự). Ví dụ, trình tự bất kỳ trong số SEQ ID NO:25-40 có thể được liên kết cộng hóa trị với phần Fc của globulin miễn dịch bao gồm trình tự nêu trong:

AESKYGPPCPPCPAPXaa$_{16}$Xaa$_{17}$Xaa$_{18}$GGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVD
VSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFXaa$_{80}$STYRVVSVLTVLHQDWLN
GKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVK
GFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFS
CSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGXaa$_{230}$; trong đó Xaa$_{16}$ là P hoặc E; Xaa$_{17}$ là F, V hoặc A; Xaa$_{18}$ là L, E hoặc A; Xaa$_{80}$ là N hoặc A; và Xaa$_{230}$ là K hoặc không có (SEQ ID NO: 3203). Nhóm liên kết có thể là gốc hóa học bất kỳ (ví dụ, axit amin và/hoặc các nhóm hóa học). Theo một phương án, nhóm liên kết là (-GGGGS-)$_x$ (SEQ ID NO: 3204) trong đó x là 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6; tốt hơn là 2, 3 hoặc 4; tốt hơn nữa là 3. Theo một phương án, chất tương tự GLP-1(7-37) được liên kết cộng hóa trị với phần Fc của globulin miễn dịch bao gồm trình tự axit amin:
HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIAWLVKGGGGGGGSGGGGSGGGGSAESKYGP
PCPPCPAPEAAGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYV
DGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSI
EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQP
ENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSR
LTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLG (SEQ ID NO: 3205).

Theo một phương án khác, GLP-1(7-37) hoặc chất tương tự GLP-1(7-37) có thể được liên kết cộng hóa trị (trực tiếp hoặc thông qua nhóm liên kết) với một hoặc hai phân tử polyetylen glycol. Ví dụ, chất tương tự GLP-1(7-37) có thể bao gồm trình tự axit amin: HXaa$_8$EGTFTSDVS SYLEXaa$_{22}$QAAKEFIAWLXaa$_{33}$KGGPSSGAPPPC$_{45}$C$_{46}$-Z, trong đó Xaa$_8$ là: D-Ala, G, V, L, I, S hoặc T; Xaa$_{22}$ là G, E, D hoặc K; Xaa$_{33}$ là: V hoặc I; và Z là OH hoặc NH_2, (SEQ ID NO: 3206), và, tùy ý, trong đó (i) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C$_{45}$, (ii) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C$_{46}$, hoặc (iii) một gốc polyetylen glycol được gắn với C$_{45}$ và một gốc polyetylen

glycol được gắn với C_{46}. Theo một phương án, chất tương tự GLP-1(7-37) là HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFI AWLIKGGPSSGAPPP$C_{45}C_{46}$-NH_2 (SEQ ID NO: 3207) và, tùy ý, trong đó (i) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C_4, (ii) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C_{46}, hoặc (iii) một gốc polyetylen glycol được liên kết với C_{45} và một gốc polyetylen glycol được liên kết với C_{46}.

Theo một phương án, hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 là một peptit mà có ít nhất 80% trình tự đồng nhất với GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184); ít nhất 85% trình tự đồng nhất với GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184); ít nhất 90% trình tự đồng nhất với GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184); hoặc ít nhất 95% trình tự đồng nhất với GLP-1(7-37) (SEQ ID NO: 3184).

Hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 có thể được điều chế bằng các quy trình đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này, ví dụ, tinh chế peptit như được mô tả trong tài liệu Eng et al., *J. Biol. Chem.*, 265:20259-62 (1990); kỹ thuật tổng hợp peptit pha rắn chuẩn như được mô tả trong tài liệu Raufman et al., *J. Biol. Chem.*, 267:21432-37 (1992); các kỹ thuật ADN tái tổ hợp như được mô tả trong tài liệu Sambrook et al., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2d Ed., Cold Spring Harbor* (1989); và kỹ thuật tương tự.

Bảng 7. Các ví dụ về các trình tự chất chủ vận GLP-1

SEQ ID NO:	Trình tự	Mô tả
3163	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	Exendin-4
3164	HSDGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	Exendin-3
3165	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	Leu^{14}-exendin-4
3166	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIEF LKNGGPSSGAPPPS	Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4
3167	HGEGTFTSDLSKQLEEEAARLFIEF LKNGGPSSGAPPPS	Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4
3168	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE	exendin-4(1-30)

	WLKNGG	
3169	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIE WLKNGG	Leu^{14}-exendin-4(1-30)
3170	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIEF LKNGG	Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4(1-30)
3171	HGEGTFTSDLSKQLEEEAARLFIEF LKNGG	Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4(1-30)
3172	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKN	exendin-4(1-28)
3173	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIE WLKN	Leu^{14}-exendin-4(1-28)
3174	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIEF LKN	Leu^{14},Phe^{25}-exendin-4(1-28)
3175	HGEGTFTSDLSKQLEEEAARLFIEF LKN	Leu^{14},Ala^{19},Phe^{25}-exendin-4 (1-28)
3176	HGEGTFTSDLSKQLEEKAAKEFIEF LKQGGPSSGAPPPS	Leu^{14},Lys^{17,20},Ala^{19},Glu^{21},Phe^{25},Gln^{28}-exendin-4
3177	HGEGTFTSDLSKQLEEKAAKEFIE WLKQGGPSSGAPPPS	Leu^{14},Lys^{17,20},Ala^{19},Glu^{21},Gln^{28}-exendin-4
3178	HGEGTFTSDLSKQ(octylG)EEEAVR LFIEWLKQGGPSSGAPPPS	octylGly^{14},Gln^{28}-exendin-4
3179	HGEGTFTSDLSKQLEEEAVRLFIE WLKQGGPSS(octylG)APPPS	Leu^{14},Gln^{28},octylGly^{34}-exendin-4
3180	HGEFTFTSDLSKQLEEEAVRLFIEW LKQGGPSKEIIS	Phe^{4},Leu^{14},Gln^{28},Lys^{33},Glu^{34},Ile^{35,36},Ser^{37}-exendin-4(1-37)
3181	HGEFTFTSDLSKQLEEKAAKEFIE WLKQGGPSSGAPPPS	Phe^{4},Leu^{14},Lys^{17,20},Ala^{19},Glu^{21},Gln^{28}-exendin-4
3182	HGEGTFTSDLVKILEAEAVRKFIEF LKNGGPSSGAPPPS	Val^{11},Ile^{13},Leu^{14},Ala^{16},Lys^{21},Phe^{25}-exendin-4
3183	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}
3184	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAKEFIA	GLP-1(7-37)

	WLVKGRG	
3185	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAKEFIA WLVKGR	GLP-1(7-36)-NH_2
3186	H(Aib)EGTFTSDVSSYLEGQAAREF IAFLVR(Aib)R	$Aib^{8,35}$,$Arg^{26,34}$,Phe^{31}-GLP-1(7-36))
3187	$HXaa_8$EGTFTSDVSSYLE$Xaa_{22}Xaa_{23}$ AAKEFI Xaa_{30}WL$Xaa_{33}Xaa_{34}$G$Xaa_{36}Xaa_{37}$ trong đó Xaa_8 là A, V, hoặc G Xaa_{22} là G, K, hoặc E Xaa_{23} là Q hoặc K Xaa_{30} là A hoặc E Xaa_{33} là V hoặc K Xaa_{34} là K, N, hoặc R Xaa_{36} là R hoặc G và Xaa_{37} là G, H, P, hoặc không có	$HXaa_8$EGTFTSDVSSYLEX $aa_{22}Xaa_{23}$AAKEFIXaa_{30}WL $Xaa_{33}Xaa_{34}$G $Xaa_{36}Xaa_{37}$ trong đó Xaa_8 là A, V, hoặc G Xaa_{22} là G, K, hoặc E Xaa_{23} là Q hoặc K Xaa_{30} là A hoặc E Xaa_{33} là V hoặc K Xaa_{34} là K, N, hoặc R Xaa_{36} là R hoặc G và Xaa_{37} là G, H, P, hoặc không có
3188	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAKEFIA WLVRGRG	Arg^{34}-GLP-1(7-37)
3189	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAKEFIE WLVKGRG	Glu^{30}-GLP-1(7-37)
3190	HAEGTFTSDVSSYLEKQAAKEFIA WLVKGRG	Lys^{22}-GLP-1(7-37)
3191	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGGG	$Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-37)
3192	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGGG	Val^8,Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-37)
3193	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLKNGGG	$Gly^{8,36}$,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34}-GLP-1(7-37)
3194	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLKNGGG	Val^8,Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-37)

3195	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGGP	$Gly^{8,36}$,Glu^{22},Pro^{37}-GLP-1(7-37)
3196	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGGP	Val^{8},Glu^{22},Gly^{36},Pro^{37}-GLP-1(7-37)
3197	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLKNGGP	$Gly^{8,36}$,Glu^{22},Lys^{33}, Asn^{34},Pro^{37}-GLP-1(7-37)
3198	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLKNGGP	Val^{8},Glu^{22},Lys^{33},Asn^{34},Gly^{36}, Pro^{37}-GLP-1(7-37)
3199	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGG	$Gly^{8,36}$,Glu^{22}-GLP-1(7-36)
3200	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGG	Val^{8},Glu^{22},Gly^{36}-GLP-1(7-36)
3201	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVNGG	Val^{8},Glu^{22},Asn^{34},Gly^{36}-GLP-1(7-36)
3202	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVNGG	$Gly^{8,36}$,Glu^{22},Asn^{34}-GLP-1(7-36)
3203	AESKYGPPCPPCPAP$Xaa_{16}$$Xaa_{17}$Xaa $_{18}$GGPSVFLFPPKPKDTLMLÀRTPE VTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVD GVEVHNAKTKPREEQFXaa_{80}STYR VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVS NKGLPSSIEKTLÀKAKGQPREPQV YTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGF YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPP VLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEG NVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLS LGXaa_{230} trong đó Xaa_{16} là P hoặc E Xaa_{17} là F, V hoặc A Xaa_{18} là L, E hoặc A Xaa_{80} là N hoặc A và Xaa_{230} là K hoặc không có mặt	Phần Fc của globulin miễn dịch
3204	$(-GGGGS-)_x$ trong đó x là 1, 2, 3, 4, 5	Yếu tố liên kết

	hoặc 6	
3205	HGEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLVKGGGGGGGSGGGGSGGGGS AESKYGPPCPPCPAPEAAGGPSVF LFPPKPKDTLMLÀRTPEVTCVVVD VSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNA KTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQ DWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKT LÀKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMT KNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWES NGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY SR LTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEAL HNHYTQKSLSLSLG	Phần Fc của globulin miễn dịch
3206	HXaa$_8$EGTFTSDVS SYLEXaa$_{22}$QAAKEFIAWLXaa$_{33}$KGG PSSGAPPPC$_{45}$C$_{46}$-Z, trong đó Xaa$_8$ là: D-Ala, G, V, L, I, S hoặc T Xaa$_{22}$ là G, E, D hoặc K Xaa$_{33}$ là: V hoặc I và Z là OH hoặc NH_2 và, tùy ý, trong đó (i) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C$_{45}$, (ii) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C$_{46}$, hoặc (iii) một gốc polyetylen glycol được liên kết với C$_{45}$ và một gốc polyetylen glycol được liên kết với C$_{46}$.	Chất tương tự GLP
3207	HVEGTFTSDVSSYLEEQAAKEFIA WLIKGGPSSGAPPPC$_{45}$C$_{46}$-NH_2 và,tùy ý, trong đó (i)một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng	Chất tương tự GLP

	hóa trị với C_4, (ii) một gốc polyetylen glycol được liên kết cộng hóa trị với C_{46}, hoặc (iii) một gốc polyetylen glycol được liên kết với C_{45} và một gốc polyetylen glycol được liên kết với C_{46}	
3208	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	[N^e-(17-carboxyheptadecanoic acid)Lys^{20}]exendin-4-NH_2
3209	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPKSGAPPPS	[N^e-(17-carboxyhepta-decanoyl)Lys^{32}]exendin-4-NH_2
3210	GEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIEW LKNGGPSSGAPPPS	[desamino-His^1,N^e-(17-carboxyheptadecanoyl)Lys^{20}] exendin-4-NH_2
3211	HGEGTFTSDLSRQNorLeEEEAVRL FIEWLRNGGPKSGAPPPS	[$Arg^{12,27}$,NLe^{14},N^e-(17-carboxy-heptadecanoyl)Lys^{32}]exendin-4-NH_2
3212	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	[N^e-(19-carboxy-nonadecanoylamino)Lys^{20}]-exendin-4-NH_2
3213	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	[N^e-(15-carboxypentadecanoylamino) Lys^{20}]-exendin-4-NH_2
3214	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	[N^e-(13-carboxytridecanoylamino)Ly s^{20}]exendin-4-NH_2
3215	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVKLFIE WLKNGGPSSGAPPPS	[N^e-(11-carboxy-undecanoyl-amino)Lys^{20}]exendin-4-NH_2
3216	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}(e-MPA)-NH_2
3217	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE	exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-

	WLKNGGPSSGAPPPSK	AEEA-MPA)-NH_2
3218	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-MPA)-NH_2
3219	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}(e-MPA)-albumin
3220	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-AEEA-MPA)-albumin
3221	HGEGTFTSDLSKQMEEEAVRLFIE WLKNGGPSSGAPPPSK	exendin-4-Lys^{40}(e-AEEA-MPA)-albumin
3222	AEGTFTSDVSSYLEGQAAREFIAW LVKGRG	desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-37) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3222)
3223	AEGTFTSDVSSYLEGQAAREFIAW LVKGRG	desamino-His^7,Arg^{26},Lys^{34}(N^{ε}-octanoyl)-GLP-1(7-37)
3224	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAREFIA WLVRGRGK	$Arg^{26,34}$,Lys^{38}(N^{ε}-(ω-carboxypentadecanoyl))-GLP-1(7-38)
3225	HAEGTFTSDVSSYLEGQAAREFIA WLVRGRGK	$Arg^{26,34}$,Lys^{36}(N^{ε}-(γ-Glu(N-α-hexadecanoyl)))-GLP-1(7-36) (peptit lõi được mô tả là SEQ ID NO: 3225)

AEEA được dùng để chỉ axit [2-(2-amino)etoxy)]axetic

EDA được dùng để chỉ etylendiamin.

MPA được dùng để chỉ axit maleimidopropionic.

Sáng chế cũng đề cập đến dược phẩm chứa hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 được mô tả ở đây và chất mang dược dụng. Các hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 có thể có mặt trong dược phẩm với lượng hữu hiệu để điều trị và có thể có mặt với lượng để tạo ra lượng hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 trong huyết tương máu tối thiểu cần để thu được

hiệu quả điều trị. Các dược phẩm như vậy là đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này và được mô tả, ví dụ, trong patent Mỹ số 7,521,423; patent Mỹ số 7,456,254; công bố đơn quốc tế số WO 2000/037098; WO 2005/021022; WO 2005/102293; WO 2006/068910; WO 2006/125763; WO 2009/068910; công bố đơn Mỹ số 2004/0106547; và tài liệu tương tự, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Dược phẩm chứa hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 được mô tả ở đây có thể được đề xuất để sử dụng ngoại vi, như ngoài đường tiêu hóa (ví dụ, sử dụng dưới da, trong tĩnh mạch, trong cơ), truyền liên tục (ví dụ, truyền nhỏ giọt tĩnh mạch, truyền tĩnh mạch nhanh, truyền tĩnh mạch), sử dụng khu trú, sử dụng trong mũi, hoặc sử dụng qua đường miệng. Các chất mang dược dụng thích hợp và quy trình bào chế chúng được mô tả trong các chuyên luận bào chế chuẩn, như Remington's Pharmaceutical Sciences by Martin; và Wang et al., *Journal of Parenteral Science và Technology*, Technical Report No. 10, Supp. 42:2S (1988). Các hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 được mô tả ở đây có thể được cung cấp trong các chế phẩm dùng ngoài đường tiêu hóa để tiêm hoặc truyền. Các hợp chất này có thể, ví dụ, được tạo huyền phù trong nước; dầu trơ, như dầu thực vật (ví dụ, dầu vừng, dầu lạc, dầu oliu, và dầu tương tự); hoặc chất mang dược dụng khác. Theo một phương án, các hợp chất này được tạo huyền phù trong chất mang chứa nước, ví dụ, trong dung dịch đệm đẳng trương ở độ pH nằm trong khoảng từ 3,0 đến 8,0, hoặc nằm trong khoảng từ 3,0 đến 5,0. Các chế phẩm này có thể được làm vô trùng bằng các kỹ thuật vô trùng thông thường hoặc có thể được lọc vô trùng. Các chế phẩm này có thể chứa các chất bổ trợ dược dụng nếu cần sao cho gần giống với các điều kiện sinh lý, như các chất đệm pH.

Các chất đệm hữu dụng bao gồm ví dụ, chất đệm axit axetic. Dạng chế phẩm giải phóng chậm "ngấm dần" hoặc kho có thể được sử dụng sao cho lượng hữu hiệu để điều trị của chế phẩm được phân phối vào trong máu qua nhiều giờ hoặc nhiều ngày sau khi tiêm dưới da, tiêm qua da hoặc phương pháp phân phối khác. Độ đẳng trương mong muốn có thể đạt được bằng cách sử dụng natri clorua hoặc các chất dược dụng khác như dextroza, axit boric, natri tartrat, propylen glycol, polyol (như manitol và sorbitol), hoặc các chất tan hữu cơ hoặc vô cơ khác. Theo một phương án để truyền trong tĩnh mạch, chế phẩm này có thể chứa (i) hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1, (2) nước vô trùng, và, tùy ý (3) natri clorua, dextroza, hoặc hỗn hợp của chúng.

Các chất mang hoặc tá dược cũng có thể được sử dụng để tạo điều kiện thuận lợi cho việc sử dụng hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1. Các ví dụ về chất mang và tá dược bao gồm canxi cacbonat, canxi phosphat, các đường khác nhau như lactoza, glucoza, hoặc sucroza, hoặc các loại tinh bột, các dẫn xuất xenluloza, gelatin, dầu thực vật, polyetylen glycol và các dung môi tương thích về mặt sinh lý.

Hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 cũng có thể được bào chế ở dạng các muối dược dụng (ví dụ, các muối cộng axit) và/hoặc các phức hợp của chúng. Các muối dược dụng là các muối không độc ở nồng độ mà chúng được sử dụng. Các muối dược dụng bao gồm các muối cộng axit như các muối chứa sulfat, hydroclorua, phosphat, sulfamat, axetat, xitrat, lactat, tartrat, metansulfonat, etansulfonat, benzensulfonat, p-toluensulfonat, xyclohexylsulfamat và quinat. Các muối dược dụng có thể được tạo ra từ các axit như axit clohydric, axit sulfuric, axit phosphoric, axit sulfamic, axit axetic, axit xitric, axit lactic, axit tartric, axit malonic, axit metansulfonic, axit etansulfonic, axit benzensulfonic, axit p-toluensulfonic, axit xyclohexylsulfamic, và axit quinic. Các muối như vậy có thể được bào chế bằng cách, ví dụ, cho các dạng axit hoặc bazơ tự do của hợp chất phản ứng với một hoặc nhiều dạng tương đương của bazơ hoặc axit thích hợp trong dung môi hoặc môi trường trong đó muối này không hòa tan, hoặc trong dung môi như nước mà sau đó được loại bỏ trong chân không hoặc bằng cách đông khô hoặc bằng cách trao đổi các ion của muối này cho ion khác trên nhựa trao đổi ion thích hợp.

Các dược phẩm chứa hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 được lấy làm ví dụ được mô tả trong patent Mỹ số 7,521,423, patent Mỹ số 7,456,254; công bố đơn Mỹ số 2004/0106547, công bố đơn quốc tế số WO 2006/068910, WO 2006/125763, và tài liệu tương tự, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Lượng hữu hiệu để điều trị của hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 được mô tả ở đây để dùng trong các phương pháp được mô tả ở đây thường sẽ nằm trong khoảng từ khoảng 0,01µg đến 5mg; từ khoảng 0,1µg đến khoảng 2,5mg; từ khoảng 1µg đến khoảng 1mg; từ khoảng 1µg đến khoảng 50µg; hoặc từ khoảng 1µg đến khoảng 25µg. Theo cách khác, lượng hữu hiệu để điều trị của hợp chất chủ vận thụ thể GLP-1 có thể nằm trong khoảng từ khoảng 0,001µg đến khoảng 100µg dựa trên trọng lượng của bệnh nhân bằng 70kg; hoặc từ khoảng 0,01µg đến khoảng 50µg dựa trên trọng lượng của bệnh nhân bằng 70kg. Các lượng hữu hiệu để điều trị này có thể được sử dụng một lần/ngày, hai lần/ngày, ba lần/ngày, một lần/tuần, hai tuần một lần, hoặc một lần/tháng, tùy thuộc vào chế phẩm.

Liều chính xác được sử dụng được xác định, ví dụ, bằng chế phẩm, như chế phẩm giải phóng tức thì hoặc chế phẩm giải phóng kéo dài. Đối với các dạng liều dùng qua da, trong mũi hoặc qua đường miệng, liều dùng có thể được tăng từ khoảng 5 lần đến khoảng 10 lần.

Theo các phương án nhất định chất chủ vận thụ thể GLP-1 sẽ được sử dụng đồng thời với protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Theo một phương án chất chủ vận thụ thể GLP-1 sẽ được sử dụng sau khi sử dụng protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Theo một phương án chất chủ vận thụ thể GLP-1 sẽ được sử dụng trước khi sử dụng protein gắn kết kháng nguyên GIPR. Theo các phương án nhất định đối tượng hoặc bệnh nhân đã được điều trị bằng chất chủ vận thụ thể GLP-1 trước khi được điều trị tiếp bằng protein gắn kết kháng nguyên GIPR.

Protein gắn kết kháng nguyên GIPR được đề cập ở đây là hữu dụng để phát hiện GIPR trong mẫu sinh học. Ví dụ, protein gắn kết kháng nguyên GIPR có thể được sử dụng trong các thử nghiệm chẩn đoán, *ví dụ,* các thử nghiệm gắn kết để phát hiện và/hoặc định lượng GIPR được biểu hiện trong huyết thanh.

Protein gắn kết kháng nguyên được mô tả có thể được sử dụng nhằm mục đích chẩn đoán để phát hiện, chẩn đoán, hoặc kiểm soát bệnh và/hoặc tình trạng bệnh có liên quan đến GIPR. Protein gắn kết kháng nguyên được mô tả tạo ra cách thức để phát hiện sự có mặt của GIPR trong mẫu bằng cách sử dụng các phương pháp mô miễn dịch cổ điển đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này (*ví dụ,* Tijssen, 1993, *Practice and Theory of Enzyme Immunoassays*, Vol 15 (Eds R.H. Burdon và P.H. van Knippenberg, Elsevier, Amsterdam); Zola, 1987, *Monoclonal Antibodies: A Manual of Techniques*, pp. 147-158 (CRC Press, Inc.); Jalkanen *et al.,* 1985, *J. Cell. Biol.* 101:976-985; Jalkanen *et al.*, 1987, *J. Cell Biol.* 105:3087-3096). Việc phát hiện GIPR có thể được thực hiện *in vivo* hoặc *in vitro*.

Các ứng dụng chẩn đoán đề cập ở đây bao gồm sử dụng protein gắn kết kháng nguyên để phát hiện sự biểu hiện của GIPR. Ví dụ về các phương pháp hữu dụng để phát hiện sự có mặt của GIPR bao gồm các thử nghiệm miễn dịch, như thử nghiệm hấp thụ miễn dịch có gắn enzym (enzyme linked immunosorbent assay-ELISA) và thử nghiệm miễn dịch phóng xạ (radioimmunoassay-RIA).

Đối với các ứng dụng chẩn đoán, protein gắn kết kháng nguyên thường được đánh dấu bằng nhóm đánh dấu dễ phát hiện. Các nhóm đánh dấu thích hợp bao gồm, nhưng

không chỉ giới hạn ở, các nhóm sau: các đồng vị phóng xạ hoặc các nuclit phóng xạ (*ví dụ,* ^{3}H, ^{14}C, ^{15}N, ^{35}S, ^{90}Y, ^{99}Tc, ^{111}In, ^{125}I, ^{131}I), các nhóm huỳnh quang (*ví dụ,* FITC, rhodamin, lantanit phospho), các nhóm enzym (*ví dụ,* peroxidaza cây củ cải cay, β-galactosidaza, luxiferaza, phosphataza kiềm), các nhóm phát quang hóa học, các nhóm biotinyl, hoặc các epitop polypeptit tiền định được nhận diện bởi phân tử thông báo thứ cấp (*ví dụ,* các trình tự cặp khóa kéo leuxin, các vị trí gắn kết cho các kháng thể thứ cấp, các vùng gấp gắn kết kim loại, các đuôi epitop). Theo một vài phương án, nhóm đánh dấu được liên kết với protein gắn kết kháng nguyên thông qua các nhóm đệm có chiều dài khác nhau để làm giảm sự cản trở trong không gian tiềm ẩn. Các phương pháp khác nhau để đánh dấu protein là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này và có thể được sử dụng.

Theo một vài phương án, protein gắn kết kháng nguyên GIPR được phân lập và được xác định bằng các kỹ thuật đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. Xem tài liệu, ví dụ, *Harlow và Lane*, 1988, *Antibodies: A Laboratory Manual,* New York: Cold Spring Harbor (ed. 1991 và periodic supplements); *John E. Coligan, ed.*, 1993, *Current Protocols In Immunology* New York: John Wiley & Sons.

Theo một khía cạnh khác sáng chế đề cập đến việc phát hiện sự có mặt của phân tử thử nghiệm mà cạnh tranh với protein gắn kết kháng nguyên được đề cập để gắn kết với GIPR. Một ví dụ về thử nghiệm như vậy bao gồm phát hiện lượng protein gắn kết kháng nguyên tự do trong dung dịch chứa một lượng GIPR khi có mặt hoặc không có mặt phân tử thử nghiệm. Lượng protein gắn kết kháng nguyên tự do tăng (tức là, protein gắn kết kháng nguyên không gắn kết với GIPR) có nghĩa là phân tử thử nghiệm có khả năng cạnh tranh với protein gắn kết kháng nguyên để gắn kết với GIPR. Theo một phương án, protein gắn kết kháng nguyên được đánh dấu bằng nhóm đánh dấu. Theo cách khác, phân tử thử nghiệm được đánh dấu và lượng phân tử thử nghiệm tự do được kiểm tra khi có mặt và không có mặt protein gắn kết kháng nguyên.

Protein gắn kết GIPR có thể được sử dụng để điều trị, chẩn đoán hoặc làm thuyên giảm, tình trạng bệnh hoặc rối loạn chuyển hóa. Theo một phương án, rối loạn chuyển hóa được điều trị là bệnh tiểu đường, *ví dụ,* bệnh tiểu đường typ 2. Theo một phương án khác, rối loạn hoặc tình trạng bệnh chuyển hóa là bệnh béo phì. Theo các phương án khác, rối loạn hoặc tình trạng bệnh chuyển hóa là rối loạn lipit huyết, tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin hoặc bệnh thần kinh do tiểu đường. Ví dụ, rối loạn hoặc tình trạng bệnh chuyển hóa có thể được điều trị hoặc được làm thuyên giảm

bằng cách sử dụng peptit gắn kết với GIPR bao gồm tình trạng trong đó đối tượng người có lượng glucoza huyết khi đói là 125mg/dL hoặc lớn hơn, ví dụ 130, 135, 140, 145, 150, 155, 160, 165, 170, 175, 180, 185, 190, 195, 200 hoặc lớn hơn 200mg/dL. Lượng glucoza huyết có thể được xác định ở trạng thái no hoặc đói, hoặc ngẫu nhiên. Rối loạn hoặc tình trạng bệnh chuyển hóa cũng có thể bao gồm tình trạng bệnh trong đó đối tượng có nguy cơ cao phát triển tình trạng bệnh chuyển hóa. Đối với đối tượng người, các tình trạng bệnh như vậy bao gồm lượng glocoza huyết khi đói bằng 100mg/dL. Các tình trạng mà có thể được điều trị bằng cách sử dụng dược phẩm chứa protein gắn kết với GIPR cũng có thể được đề cập trong tài liệu American Diabetes Association Standards of Medical Care in Diabetes Care-2011, American Diabetes Association, Diabetes Care Vol. 34, No. Supplement 1, S11-S61, 2010, được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Khi sử dụng, rối loạn hoặc tình trạng bệnh chuyển hóa, như bệnh tiểu đường typ 2, tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin, rối loạn lipit huyết, bệnh béo phì hoặc bệnh thần kinh do tiểu đường, có thể được điều trị bằng cách cho bệnh nhân cần điều trị sử dụng một lượng hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết GIPR. Việc sử dụng này có thể được tiến hành như được mô tả ở đây, như bằng cách tiêm IV, tiêm trong màng bụng (IP), tiêm dưới da, tiêm bắp, hoặc sử dụng qua đường miệng ở dạng viên nén hoặc dạng dung dịch. Trong một vài trường hợp, liều hữu hiệu để điều trị hoặc liều được ưu tiên của protein gắn kết GIPR có thể được xác định bởi bác sỹ điều trị. Liều hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết GIPR sẽ tùy thuộc, không kể các yếu tố khác, vào phác đồ dùng, liều đơn vị của chất được sử dụng, cho dù protein gắn kết GIPR được sử dụng kết hợp với các chất điều trị khác hay không, tình trạng miễn dịch và tình trạng sức khỏe của người nhận. Thuật ngữ "liều hữu hiệu để điều trị," như được sử dụng ở đây, có nghĩa là lượng protein gắn kết GIPR tạo ra đáp ứng sinh học hoặc y học trong hệ mô, động vật, hoặc người được nghiên cứu bởi nhà nghiên cứu, bác sỹ điều trị, hoặc bác sỹ lâm sàng khác, mà bao gồm làm nhẹ bớt hoặc làm thuyên giảm các triệu chứng của bệnh hoặc rối loạn được điều trị, tức là, lượng protein gắn kết GIPR giúp phát hiện mức độ của một hoặc nhiều đáp ứng sinh học hoặc y học mong muốn, ví dụ làm giảm lượng glucoza, insulin, triglyxerit, hoặc cholesterol trong máu; làm giảm thể trọng; hoặc cải thiện khả năng dung nạp glucoza, mức tiêu tốn năng lượng, hoặc độ nhạy insulin.

Lưu ý là lượng hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết GIPR cũng có thể khác nhau theo kết quả mong muốn. Do đó, ví dụ, trong các trường hợp trong đó lượng

glucoza trong máu thấp hơn được chỉ báo thì lượng protein gắn kết GIPR tương ứng sẽ cao hơn lượng trong đó lượng glucoza trong máu giảm tương đối được mong muốn. Ngược lại, trong các trường hợp trong đó lượng glucoza trong máu cao hơn được chỉ báo thì liều protein gắn kết GIPR tương ứng sẽ thấp hơn liều trong đó lượng glucoza trong máu tương đối cao hơn được mong muốn.

Theo các phương án khác, đối tượng là người có lượng glucoza trong máu bằng 100mg/dL hoặc lớn hơn có thể được điều trị bằng protein gắn kết GIPR.

Theo một phương án, phương pháp theo sáng chế bao gồm đầu tiên xác định lượng ban đầu của một hoặc nhiều hợp chất có liên quan đến chuyển hóa như glucoza, insulin, cholesterol, lipit ở đối tượng. Sau đó, dược phẩm chứa protein gắn kết GIPR được sử dụng cho đối tượng. Sau một khoảng thời gian mong muốn, lượng của một hoặc nhiều hợp chất có liên quan đến chuyển hóa (*ví dụ,* lượng glucoza, insulin, cholesterol, lipit trong máu) ở đối tượng được xác định lại. Sau đó, hai mức được so sánh để xác định sự thay đổi tương đối của hợp chất có liên quan đến chuyển hóa ở đối tượng. Tùy thuộc vào kết quả của so sánh đó, một liều khác của dược phẩm chứa protein gắn kết GIPR có thể được sử dụng để thu được lượng mong muốn của một hoặc nhiều hợp chất có liên quan đến chuyển hóa.

Lưu ý là dược phẩm chứa protein gắn kết GIPR có thể được đồng sử dụng với hợp chất khác. Tính đồng nhất và các đặc tính của hợp chất được đồng sử dụng với protein gắn kết GIPR sẽ tùy thuộc vào bản chất của tình trạng bệnh được điều trị hoặc được làm thuyên giảm. Một danh sách không giới hạn về các ví dụ về hợp chất mà có thể được sử dụng kết hợp với dược phẩm chứa protein gắn kết GIPR bao gồm rosiglitizon, pioglitizon, repaglinide, nateglitinide, metformin, exenatide, stiagliptin, pramlintide, glipizide, glimepriridеacarboza, và miglitol.

Cũng được đề cập là kit để thực hiện các phương pháp được mô tả. Các kit này có thể chứa dược phẩm như các dược phẩm được mô tả ở đây, bao gồm các axit nucleic mã hóa peptit hoặc protein được đề cập ở đây, vectơ và các tế bào chứa các axit nucleic này, và dược phẩm chứa các hợp chất bao gồm axit nucleic này, mà có thể được đựng trong đồ chứa vô trùng. Tùy ý, các hướng dẫn sử dụng dược phẩm để điều trị rối loạn chuyển hóa cũng có thể được bao gồm hoặc được cung cấp cho bệnh nhân hoặc nhà cung cấp dịch vụ y tế.

Theo một khía cạnh, kit chứa (a) dược phẩm chứa một lượng hữu hiệu để điều trị của protein gắn kết GIPR; và (b) một hoặc nhiều đồ chứa để chứa dược phẩm. Kit này cũng có thể bao gồm hướng dẫn sử dụng dược phẩm; các hướng dẫn này có thể được điều chỉnh cho rối loạn chuyển hóa chính xác được điều trị. Các hướng dẫn sử dụng có thể mô tả cách dùng và bản chất của của các nguyên liệu được cung cấp trong kit này. Theo các phương án nhất định, kit này bao gồm các hướng dẫn để bệnh nhân thực hiện việc sử dụng nhằm điều trị rối loạn chuyển hóa, như tình trạng tăng lượng glucoza, tình trạng tăng lượng insulin, bệnh béo phì, bệnh tiểu đường typ 2, rối loạn lipit huyết hoặc bệnh thần kinh do tiểu đường.

Các hướng dẫn này có thể được in trên chất liệu, như giấy hoặc chất dẻo, v.v., và có thể có trong kit dưới dạng nhãn bao bì, nhãn của đồ chứa của kit hoặc các thành phần của chúng (ví dụ, có liên quan đến bao bì), v.v.. Theo các phương án khác, các hướng dẫn sử dụng có mặt ở dạng tệp dữ liệu lưu trữ điện tử có trong vật ghi lưu trữ đọc được bằng máy tính thích hợp, ví dụ, CD-ROM, đĩa mềm, v.v.. Theo các phương án khác nữa, các hướng dẫn thực sự không có trong kit, nhưng các cách thức để lấy hướng dẫn từ một nguồn từ xa, như qua mạng internet, được đề cập. Một ví dụ về phương án này là kit mà bao gồm địa chỉ trang web để xem các hướng dẫn sử dụng và/hoặc để tải các hướng dẫn sử dụng.

Thường mong muốn một vài hoặc toàn bộ các thành phần của kit được đóng gói trong bao bì thích hợp để đảm bảo được độ vô trùng. Các thành phần của kit có thể được đóng gói trong một đồ chứa kit thành một bộ đơn dễ sử dụng, trong đó đồ chứa kit, ví dụ, hộp hoặc cấu trúc tương tự, có thể có hoặc không phải là một đồ chứa kín khí, ví dụ, để đảm bảo độ vô trùng của một vài hoặc toàn bộ các thành phần của kit.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Ví dụ 1

Tạo ra kháng thể kháng GIPR của chuột. Các lần gây miễn dịch được tiến hành trên chuột nhắt 129X BL/6 do Charles River by GeneGun cung cấp bằng một hỗn hợp gồm ADN (pTT5:E3K-muGIPR-E3K và pTT5:Mut1-mGIPR-Mut1) và CA-64. Các tế bào B được thu hoạch từ chuột nhắt có hiệu giá cao nhất và được dung hợp với các tế bào Sp2/0-Ag14 tạo tế bào lai. Kháng thể được tổng hợp từ các tế bào lai được nuôi cấy trong bình cao cổ ở nhiệt độ 37°C. Kháng thể được tinh chế từ môi trường nuôi cấy bằng sắc ký ái lực (protein A FF, phương pháp muối/pH cao) sau đó trao đổi đệm (UF/DF). Giải trình

tự ở đầu N của các vùng gấp biến đổi được thực hiện bằng cách sử dụng các tế bào lai. ARN được phân lập từ dịch dung giải tế bào lai và được chuyển hóa thành cADN bằng cách tách dòng TOPO-TA các sản phẩm RACE PCR. Các trình tự chuỗi nhẹ và chuỗi nặng được xác định bằng phương pháp LC/MS. Isotyp ban đầu của các kháng thể tế bào lai là IgG2a của chuột. Typ phụ được thay đổi thành muIgG1 không được glycosyl hóa (đột biến N297 thành G) là không có chức năng tác động. Trình tự tái tổ hợp được tách dòng bằng cách tách dòng liên tục GeneArt trong pTT5 và pSLX240 để biểu hiện tạm thời trong tế bào của động vật có vú 293-6E và biểu hiện ổn định trong tế bào của động vật có vú CHO S, tương ứng. Các quá trình tiến hành biểu hiện được thực hiện trong 6 ngày trong các bình lắc ở nhiệt độ 36°C. Môi trường nuôi cấy được thu hoạch để tinh chế. Toàn bộ các lô protein được tinh chế bằng sắc ký ái lực (Mab Select SuRe) sau đó bằng trao đổi ion (SP Sepharoza HP) và kết thúc bằng trao đổi đệm (UF/DF) trong dung dịch đệm A5.2Su. Các phân tích protein (sắc ký loại trừ kích thước) đã cho thấy toàn bộ các lô đều chứa >98% đỉnh chính và <1% các loại phân tử có trọng lượng cao.

Ví dụ 2

Fig.1 thể hiện sự khái quát về thử nghiệm dược lực học để thử nghiệm các kháng thể kháng GIPR của chuột. Chuột nhắt C57BL/6 béo phì do chế độ ăn giàu chất béo (high fat diet-HFD) bảy tuần tuổi được mua từ Jackson Labs. Sau khi được mua về, chuột được tiếp tục nuôi với chế độ ăn giàu chất béo với các chế độ ăn nghiên cứu D12492 (60 kcal % chất béo) (chế độ ăn nghiên cứu) trong một đến hai tuần. Chuột nhắt được lấy ngẫu nhiên theo thể trọng và được sử dụng qua đường trong tĩnh mạch kháng thể kháng GIPR thử nghiệm hoặc chất dẫn (10mM axetat, 150mM NaCl, pH 5,0) ngày trước khi tiến hành thử nghiệm dung nạp glucoza qua đường trong màng bụng (intraperitoneal glucose tolerance test-IPGTT). Chuột nhắt được để đói trong 7 giờ và IPGTT được tiến hành ngay sau khi sử dụng GIP [D-Ala2]-GIP ngoại sinh (50nmol/kg, Phoenix Pharmaceuticals) qua đường trong màng bụng. Các mẫu máu được lấy ra từ vết rạch trên đuôi ở các thời điểm được nêu. Glucoza được đo bằng cách sử dụng thiết bị đo lượng glucoza trong máu AlphaTrak (Abbott). Lượng insulin trong máu được xác định bằng cách sử dụng kit EIA siêu nhạy với insulin (chuột nhắt) (ALPCO Diagnostics). Các kết quả được thể hiện trên Fig.2 và cho thấy rằng kháng thể kháng GIPR chuột nhắt 2.63.1 gây đối kháng quá trình tiết insulin được cảm ứng bởi GIP. 2.63.1 chứa chuỗi nhẹ với trình tự sau:

MKLPVRLLVL MFWIPASSSD VVMTQTPLSL PVSLGDQASI SCRSSQSLVH SNGDTYLHWY LQKPGQSPKL LIYKVSNRFS GVPDRFSGSG SGTDFTLKIS RVEAADLGVY FCSQSTHVPP FTFGGGTKLE IKRADAAPTV SIFPPSSEQL TSGGASVVCF LNNFYPKDIN VKWKIDGSER QNGVLNSWTD QDSKDSTYSM SSTLTLTKDE YERHNSYTCE ATHKTSTSPI VKSFNRNEC (SEQ ID NO: 3161)

Và 2.63.1 chứa chuỗi nặng với trình tự sau:

MGWSYIILFL VATATDVHSQ VQLQQPGAEL VKPGASVKLS CRASGYTFTS NWMHWVKQRP RQGLEWIGEI NPSNGRSNYN EKFKTKATLT VDKSSSTAYM QLSSLTSEDS AVYYCARFYY GTSWFAYWGQ GTLVAVSAAK TTPPSVYPLA PGSAAQTNSM VTLGCLVKGY FPEPVTVTWN SGSLSSGVHT FPAVLQSDLY TLSSSVTVPS STWPSETVTC NVAHPASSTK VDKKIVPRDC GCKPCICTVP EVSSVFIFPP KPKDVLTITL TPKVTCVVVD ISKDDPEVQF SWFVDDVEVH TAQTQPREEQ FASTFRSVSE LPIMHQDWLN GKEFKCRVNS AAFPAPIEKT ISKTKGRPKA PQVYTIPPPK EQMAKDKVSL TCMITDFFPE DITVEWQWNG QPAENYKNTQ PIMDTDGSYF VYSKLNVQKS NWEAGNTFTC SVLHEGLHNH HTEKSLSHSP GK (SEQ ID NO: 3162).

Theo một phương án sáng chế đề cập đến kháng thể kháng GIPR của chuột chứa chuỗi nhẹ là SEQ ID NO: 3161 và chuỗi nặng là SEQ ID NO: 3162. Theo một phương án sáng chế đề cập đến kháng thể kháng GIPR của chuột chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ từ SEQ ID NO: 3161 và vùng biến đổi chuỗi nặng từ SEQ ID NO: 3162. Theo một phương án sáng chế đề cập đến kháng thể kháng GIPR chuột chứa CDRL1, CDRL2, và CDRL3 từ SEQ ID NO: 3161 và CDRH1, CDRH2, và CDRH3 từ SEQ ID NO: 3162.

Ví dụ 3

Fig.3 thể hiện sự khái quát về nghiên cứu được dùng để xác định các tác động của việc điều trị bệnh mạn tính ở chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn gây ra (diet induced obese-DIO) bằng kháng thể 2.63.1. Chuột nhắt C57BL/6 DIO đực 18 tuần tuổi được nuôi bằng chế độ ăn nghiên cứu D12492 (60 kcal % chất béo) được ngẫu nhiên chia thành các nhóm. Tiến hành điều trị hai lần một tuần qua đường trong màng bụng trong 6 tuần. Lượng glucoza trong máu từ vết rạch đuôi được đo bằng cách sử dụng thiết bị đo glucoza (Abbott) sau khi chuột bị để đói trong 4 giờ. Lượng insulin được xác định bằng cách sử dụng thử nghiệm ELISA insulin có hàm lượng cao trên chuột nhắt (ALPCO Diagnostics).

Lượng triglyxerit được đo bằng cách sử dụng kit thử nghiệm đo triglyxerit vô hạn (Thermo Scientific). Tổng lượng cholesterol được đo bằng cách sử dụng kit đo cholesterol tổng số vô hạn (Thermo Scientific). Thành phần cơ thể được xác định bằng cách sử dụng thiết bị phân tích toàn bộ thành phần cơ thể sử dụng phần mềm minispec (Bruker).

Đối với thử nghiệm dung nạp glucoza dùng qua đường trong màng bụng (intraperitoneal glucose tolerance test-IPGTT), chuột nhắt được để đói trong 4 giờ. Lượng glucoza được đo và các mẫu máu được lấy ra từ tĩnh mạch đuôi trước khi bắt đầu IPGTT. IPGTT được tiến hành bằng cách tiêm glucoza qua đường trong màng bụng (1g/kg thể trọng). Lượng glucoza được đo ở các thời điểm 20, 40 và 60 phút sau khi dùng glucoza bằng cách sử dụng thiết bị đo glucoza (Abbott). Toàn bộ số liệu được thể hiện trong Fig.4-13. Fig.4. thể hiện kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm sự tăng thể trọng.

Fig.5 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm khối lượng mỡ. Fig.6 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm lượng mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn. Fig.7 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm lượng glucoza trong máu khi đói. Fig.8 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột nhắt 2.63.1 dẫn đến làm giảm lượng insulin. Fig.9 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến cải thiện khả năng dung nạp glucoza. Fig.10 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm tổng lượng cholesterol trong huyết thanh. Fig.11 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm sự thay đổi vi nang tế bào gan và sự tích tụ lipit tương ứng. Fig.12 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1 dẫn đến làm giảm lượng triglyxerit và trọng lượng gan. Fig.13 thể hiện tình trạng viêm giảm và lượng tế bào đại thực bào thâm nhiễm xung quanh các tế bào mỡ trong mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn giảm khi điều trị bằng kháng thể kháng GIPR của chuột 2.63.1.

Cuối cùng, mỡ ở gan và mào tinh hoàn được phân lập và được làm cân bằng. Một mảnh của mỗi loại mô được cố định trong 10% formalin được đệm trong 24 giờ. Các mô được cắt và được nhuộm như được nêu trong Fig.11 và 13.

Ví dụ 4

Tạo kháng thể kháng GIPR

Các giống chuột nhắt

Các kháng thể đầy đủ của người kháng GIPR của người được tạo ra bằng cách gây miễn dịch chuột chuyển gen XENOMOUSE® (patent Mỹ số 6,114,598; 6,162,963;6,833,268; 7,049,426; 7,064,244, các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn; Green et al., 1994, Nature Genetics 7:13-21; Mendez et al., 1997, Nature Genetics 15:146-156; Green và Jakobovitis, 1998, J. Ex. Med, 188:483-495; Kellerman và Green, Current Opinion in Biotechnology 13, 593-597, 2002). Các con chuột từ các giống XENOMOUSE® XMG2-K, XMG2-KL, XMG4-K và XMG4-KL được sử dụng cho tất cả các lần gây miễn dịch.

Gây miễn dịch

Nhiều chất gây miễn dịch và các đường gây miễn dịch có thể được sử dụng để tạo ra các đáp ứng miễn dịch kháng GIPR của người. Để gây miễn dịch di truyền, chuột nhắt được gây miễn dịch 12-14 lần trong khoảng 6-8 tuần bằng cách sử dụng hệ súng bắn gen Helios theo hướng dẫn của nhà sản xuất (BioRad, Hercules, California). Nói tóm lại, vectơ biểu hiện mã hóa GIPR của người hoặc khỉ rhesus kiểu dại được phủ lên các hạt vàng (BioRad, Hercules, California) và được phân phối vào biểu bì của chuột nhắt đã cạo lông hoặc bụng của chuột cống. Đối với các lần gây miễn dịch bằng protein hòa tan, chuột nhắt được gây miễn dịch bằng protein tái tổ hợp GIPR của người có vùng gấp ngoại bào ở đầu N đầy đủ (1-139). Các con chuột được gây miễn dịch bằng protein tái tổ hợp kết hợp với phèn và CpG-ODN 10 lần trong 4-6 tuần bằng cách tiêm dưới da. Liều gây miễn dịch nhắc lại lần đầu là 10μg trong khi đó các liều gây miễn dịch nhắc lại tiếp theo nằm trong khoảng 5 đến 10μg. Hiệu giá huyết thanh đặc hiệu GIPR được kiểm tra bằng phân tích FACS trên tế bào sống trên thiết bị đếm tế bào theo dòng chảy Accuri (BD Biosciences) bằng cách sử dụng các tế bào 293T chuyển nhiễm tạm thời hoặc tế bào CHO chuyển nhiễm ổn định. Các con chuột có hiệu giá huyết thanh đặc hiệu kháng nguyên cao nhất chống lại GIPR của người hoặc của khỉ rhesus được giết và được sử dụng để tạo ra tế bào lai (Kohler và Milstein, 1975).

Tạo tế bào lai

Các con chuột có hiệu giá huyết thanh thích hợp được xác định và các tế bào lympho được lấy từ lá lách và/hoặc hạch bạch huyết dẫn lưu. Các tế bào lympho thu gom được (từ mỗi thuần tập miễn dịch) được tách ra từ mô lympho bằng cách nghiền trong môi trường thích hợp (ví dụ, môi trường Eagle được cải biến của Dulbecco (DMEM);

Invitrogen, Carlsbad, CA). Các tế bào B được chọn lọc và/hoặc được nhân lên bằng các phương pháp chuẩn, và được dung hợp với một đối tác dung hợp thích hợp bằng các kỹ thuật đã biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Ví dụ 5

Phân tích gắn kết đối với nhóm thao tác di truyền GIPR và các giá trị ấn định hiệp phương sai ("covariance-CV") sử dụng MASS-1

MASS-1, cảm biến ái lực SPR có chip cảm biến – Kit liên kết amin và amin dung lượng cao do Sierra Sensors cung cấp (Greenville, RI). Chất hoạt động bề mặt P-20, 10mM natri axetat, pH 4,0, và 10mM glyxin pH 1,5 do Biacore, Inc. cung cấp (Piscataway, NJ). Dung dịch nước muối được đệm phosphat (PBS, 1X, không canxi clorua, không magie clorua) do Gibco cung cấp. Albumin huyết thanh bò (BSA, phân đoạn V, không chứa IgG) do Sigma cung cấp. Kháng thể dê kháng huFc do Jackson ImmunoResearch Inc. cung cấp (West Grove, PA).

Việc cố định kháng thể dê kháng huFc vào bề mặt chip cảm biến được tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Nói tóm lại, các nhóm carboxyl trên bề mặt chip cảm biến được kích hoạt bằng cách tiêm 100µL hỗn hợp chứa 75mg/mL N-etyl-N'-(dimetylaminopropyl) carbodiimit (EDC) và 1,9mg/mL N-hydroxysucxinimit (NHS) ở nồng độ 12,5µL/phút. Kháng thể dê kháng huFc được pha loãng trong 10mM natri axetat, pH 4,0 ở nồng độ 20µg/mL và được tiêm vào các bề mặt chip đã kích hoạt (kênh dòng tế bào 1-8/A&B) ở tốc độ 12,5µL/phút trong 8 phút. Các nhóm phản ứng dư trên bề mặt được khử hoạt hóa bằng cách tiêm 100µL 1M etanolamin. Mức được cố định cuối cùng là ~ 4000 - 5000 đơn vị cộng hưởng (RU).

Các thử nghiệm gắn kết được tiến hành trên bề mặt đã phủ kháng thể dê kháng huFc đã làm cố định bằng MASS-1. Thử nghiệm này được tiến hành ở nhiệt độ 25°C. Dung dịch đệm chạy dụng cụ là 0,005% P20/PBS. Kháng thể bắt giữ của dê kháng huFc được liên kết cộng hóa trị với bề mặt chip cảm biến bằng cách liên kết amin chuẩn với kênh các tế bào dòng chảy 1-8/A&B. Kháng thể kháng huGIPR được pha loãng trong dung dịch đệm mẫu (0,1 mg/mL BSA, 0,005% P20, PBS) đến nồng độ bằng 10nM, sau đó được bắt giữ vào kênh các tế bào dòng B. Kênh A không được tiêm kháng thể kháng huGIPR làm bề mặt đối chứng trống. Khoảng đáp ứng bắt giữ của kênh B là ~ 100 - 400 RU. Sau đó 200nM ECD huGIPR được tiêm vào bề mặt đã phủ kháng thể kháng huGIPR được bắt giữ bởi kháng thể dê kháng huFc ở tốc độ dòng 25µL/phút trong 3 phút. Sau khi

tách 6 phút, mỗi bề mặt được tái tạo bằng cách tiêm 10mM Glyxin, pH 1,5 trong 30 giây. Các biểu đồ cảm biến được phân tích bằng cách sử dụng phần mềm MASS-1 (AnalyserR2, phiên bản 0.1.6.5).

Mỗi mẫu kháng thể kháng huGIPR được bắt giữ trên bề mặt chip cảm biến MASS-1 đã phủ kháng thể dê kháng huFc. 200nM ECD huGIPR được tiêm vào các bề mặt mẫu đã bắt giữ. Sau khi tách 6 phút, mỗi bề mặt được tái tạo bằng cách tiêm 10mM Glyxin, pH 1,5. Các biểu đồ cảm biến thu được đã cho thấy ECD huGIPR gắn kết với họ kháng thể kháng huGIPR 6H1. Xem tài liệu Bảng 8 và Fig.15.

Bảng 8:

Bảng này thể hiện tóm tắt hằng số tốc độ phân ly (kd) đối với các mẫu thuộc họ 6H1.

Tên kháng thể	iPS	Lô protein	kd [1/s]
21-143_6H1.005	iPS:359879	PL-42048	9,1E-04
21-143_6H1.006	iPS:361069	PL-42049	1,9E-04
21-143_6H1.007	iPS:361073	PL-42050	7,6E-04
21-143_6H1.008	iPS:361077	PL-42051	4,9E-04
21-143_6H1.009	iPS:361853	PL-42052	7,0E-04
21-143_6H1	iPS:335940	PL-42053	8,3E-04
đối chứng 4B1.007	iPS:336119	PL-40272	1,4E-03

Các biểu đồ cảm biến được phân tích bằng cách sử dụng phần mềm MASS-1 (AnalyserR2, phiên bản 0.1.6.5). Biểu đồ này thể hiện tóm tắt hằng số tốc độ phân ly theo tính toán (1/s) đối với các mẫu thử nghiệm gắn kết với ECD huGIPR. Các kết quả được thể hiện trong Fig.14A-14Q và Fig.15.

Ví dụ 6

Mô tả thử nghiệm sinh học được sử dụng để xác định hiệu lực của nhóm dẫn

Thử nghiệm AMP vòng (số 62AM4PEC CISBIO) được sử dụng để xác định hiệu lực của các kháng thể kháng GIPR. Các tế bào 293T được nuôi cấy trong huyền phù và được chuyển nhiễm tạm thời GIPR của người nhờ Lipofectamin 2000 (số 11668027 Life Technologies). 24 giờ sau khi chuyển nhiễm, kháng thể được xác định hiệu giá từ nồng độ cao đến thấp trong các đĩa có 384 lỗ màu đen (số 3712 Corning Life Sciences) với thể tích cuối bằng 10µl/lỗ trong dung dịch đệm thử nghiệm (DMEM số D5671 Sigma được bổ sung 15mM HEPES và 0,1% Albumin huyết thanh bò). Sau đó các tế bào được

chuyển nhiễm GIPR được bổ sung vào đĩa thử nghiệm ở mật độ 10.000 tế bào mỗi lỗ (10µl/lỗ) khi có mặt 1:40 cAMP-d2 (thành phần kit CISBIO). Các đĩa thử nghiệm được ủ trong 30 phút ở nhiệt độ 37'C, 5% CO_2. Dung dịch gốc làm việc chứa GIP của người (số 027-02 Phoenix Pharmaceuticals) ở nồng độ 175pM và 2,8mM IBMX được điều chế trong dung dịch đệm thử nghiệm và dung dịch này được bổ sung vào các đĩa thử nghiệm với lượng 10µl/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ ở nhiệt độ 37°C, 5% CO_2 trong 30 phút. Kháng cAMP-Eu3+-Cryptate (thành phần kit CISBIO) được điều chế ở tỷ lệ 1:40 trong dung dịch đệm tiếp hợp và phân giải (thành phần kit CISBIO) và dung dịch này được bổ sung vào các đĩa thử nghiệm ở nồng độ 15µl/lỗ và được để ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó huỳnh quang phân giải theo thời gian đồng nhất được thu gom trên thiết bị đọc vi đĩa đa chế độ Tecan Genios Pro nhờ bước sóng kích thích bằng 320nM, thời gian trễ 150µs và thời gian tích hợp bằng 50us. Sự phát xạ ánh sáng sau đó được phát hiện ở cả nồng độ 620nM và 665nM. Số liệu thu thập được báo cáo sau đó dưới dạng tỷ lệ FRET là A665/A620 nhân với hệ số 10000 theo các hướng dẫn đi kèm kit CISBIO. Phần trăm ức chế sự gắn kết của hGIP với GIPR được biểu hiện tạm thời được tính toán bằng cách lấy tỷ lệ FRET của các tế bào cộng với kháng thể cộng với hGIP (f2) trừ tỷ lệ FRET của các tế bào cộng với hGIP (f1) chia cho tỷ lệ FRET của một mình tế bào (f3) trừ tỷ lệ FRET của các tế bào cộng với hGIP (f1) nhân với 100: % Ức chế = [(f2-f1)/(f3-f1)] x 100. Các giá trị IC60 được thể hiện trên Fig.14Q-14Q và các kết quả cAMP được thể hiện trong Bảng 9.

Bảng 9

iPS	**Cấu trúc**	kd [1/s]	Thử nghiệm cAMP Hu GIPR (Nồng độ mAb bằng 60% mức ức chế tính theo nM)	Thử nghiệm cAMP GIPR của khỉ Rhesus (Nồng độ mAb bằng 60% mức ức chế tính theo nM)
1	**4H9.004**			
iPS:336079	4H9.004	1,1E-03	0,12	0,43
iPS:3597	4H9.004.001	1,8E-03	0,51	0,43

83				
iPS:360931	4H9.004.002	1,4E-03	0,75	0,76
iPS:360938	4H9.004.003	1,5E-03	0,59	0,50
iPS:360945	4H9.004.004	1,6E-03	0,81	0,44
iPS:360951	4H9.004.005	1,6E-03	0,27	0,65
iPS:359763	4H9.004.006	4,2E-03	1,15	0,35
2	**4B1**			
iPS:335916	4B1	1,7E-03	0,93	0,67
iPS:360957	4B1.010	3,8E-03	2,46	1,14
iPS:360964	4B1.011	1,2E-03	1,34	0,51
iPS:360970	4B1.012	3,0E-03	4,77	1,01
iPS:360976	4B1.013	3,4E-03	4,50	1,35
iPS:360980	4B1.014	2,8E-03	2,46	0,95
iPS:359787	4B1.015	5,6E-03	2,65	0,84
iPS:360984	4B1.016	3,1E-03	4,87	1,57
3	**18F2**			
iPS:335924	18F2	1,5E-03	0,72	0,80

iPS:360988	18F2.002	3,8E-03	3,59	2,23
iPS:360997	18F2.003	2,4E-03	6,69	2,01
iPS:361001	18F2.004	5,8E-03	7,04	2,72
iPS:361007	18F2.005	1,4E-03	1,62	1,13
iPS:361011	18F2.006	1,4E-03	1,59	0,52
iPS:361015	18F2.007	3,7E-03	2,72	1,94
iPS:361019	18F2.008	1,2E-03	4,89	1,76
iPS:361023	18F2.009	2,4E-03	2,23	1,28
iPS:361030	18F2.010	3,7E-03	5,73	1,75
iPS:360537	18F2.011	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361037	18F2.012	2,8E-03	7,87	1,88
iPS:361847	18F2.013	2,8E-03	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
4	**2F11**			
iPS:335943	2F11	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:359942	2F11.002	6,0E-02	103,22	39,97
iPS:361041	2F11.003	9,8E-03	4,79	1,79
iPS:3610	2F11.004	5,3E-02	108,57	35,51

45				
iPS:361051	2F11.005	3,6E-02	84,34	68,57
iPS:361057	2F11.006	1,1E-02	1,33	1,30
iPS:361061	2F11.007	1,2E-02	2,20	1,82
iPS:361065	2F11.008	3,0E-02	153,65	57,35
iPS:359951	2F11.009	3,6E-02	147,64	36,91
iPS:359958	2F11.010	4,3E-02	15,94	8,24
5	**6H1**			
iPS:335940	6H1	8,3E-04	0,21	
iPS:359867	6H1.002	7,6E-04	0,22	0,31
iPS:359871	6H1.003	3,7E-04	0,31	0,18
iPS:359875	6H1.004	1,2E-04	0,12	0,79
iPS:359879	6H1.005	9,1E-04	0,80	0,49
iPS:361069	6H1.006	1,9E-04	0,59	0,47
iPS:361073	6H1.007	7,6E-04	0,80	0,55
iPS:361077	6H1.008	4,9E-04	0,60	0,44
iPS:361853	6H1.009	7,0E-04	0,23	0,15

6	**6A5**			
iPS:336090	6A5.004	3,6E-04	0,60	0,76
iPS:361081	6A5.004.001	2,8E-03	0,27	0,90
iPS:361087	6A5.004.002	2,2E-03	0,15	0,88
iPS:361093	6A5.004.003	1,5E-03	0,42	0,78
iPS:361097	6A5.004.004	3,6E-03	0,76	0,97
iPS:361103	6A5.004.005	7,7E-04	0,28	0,62
iPS:361107	6A5.004.006	1,8E-03	0,28	0,77
iPS:361111	6A5.004.007	2,3E-03	0,39	0,61
iPS:361115	6A5.004.008	1,7E-03	0,53	0,82
iPS:361122	6A5.004.009	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	23,34
iPS:359898	6A5.004.010	4,6E-03	1,75	0,81
iPS:359892	6A5.004.011	2,7E-03	1,51	
7	**5G12**			
iPS:362053	5G12.005.001	8,2E-02	15,1	10,9
iPS:336069	5G12.006	7,3E-03	0,6	0,8
iPS:3611	5G12.006.00	8,1E-03	1,8	0,9

29	1			
iPS:361138	5G12.006.002	8,1E-03	2,1	1,0
iPS:361142	5G12.006.003	6,2E-03	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:359921	5G12.006.004		không có mẫu	không có mẫu
iPS:361146	5G12.006.005	7,8E-03	26,1	5,3
iPS:361153	5G12.006.006	7,2E-03	1,0	0,9
8	**2A11**			
iPS:335959	2A11		không có mẫu	không có mẫu
iPS:359569	2A11.002	3,0E-03	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:335967	2A11.003	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361160	2A11.004	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361167	2A11.005	không gắn kết	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
9	**2G10_LC1**			
iPS:336043	2G10_LC1	1,6E-03	0,80	0,67
iPS:361174	2G10_LC1.003	1,1E-03	0,57	0,85
iPS:361180	2G10_LC1.004	1,2E-03	0,31	0,58
iPS:361187	2G10_LC1.005	8,5E-04	0,72	0,43
iPS:3611	2G10_LC1.0	1,0E-03	1,04	0,52

94	06			
iPS:359611	2G10_LC1.007	2,8E-02	68,24	16,31
iPS:359617	2G10_LC1.008	2,4E-02	11,93	4,00
iPS:361198	2G10_LC1.009	1,5E-03	2,78	0,71
iPS:361204	2G10_LC1.010	1,4E-03	1,83	0,86
10	**17H11**			
iPS:336101	17H11.004	1,0E-03	0,27	0,27
iPS:359623	17H11.004.001	9,3E-04	0,27	0,22
11	**18E3**			
iPS:336026	18E3	3,2E-03	0,31	0,25
iPS:359646	18E3.002	3,3E-03	0,45	0,16
iPS:361208	18E3.003	3,4E-03	0,29	0,12
iPS:359630	18E3.004	3,5E-03	0,31	0,06
iPS:359639	18E3.005	2,8E-03	0,29	0,10
iPS:361212	18E3.006	3,8E-03	0,06	0,12
iPS:361216	18E3.007	3,6E-03	0,07	0,24
iPS:361220	18E3.008	3,2E-03	0,25	0,37
12	**5C2**			

iPS:335972	5C2	2,4E-03	1,30	0,53
iPS:361224	5C2.006	3,2E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361231	5C2.007	2,9E-03	0,28	0,66
iPS:361238	5C2.008	3,0E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:359687	5C2.009	2,3E-03	1,27	0,60
iPS:361242	5C2.010	2,6E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361249	5C2.011	2,6E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361256	5C2.012	2,7E-03	1,56	0,65
iPS:361263	5C2.013	1,5E-02	12,01	7,02
iPS:361270	5C2.014	2,5E-03	1,10	0,54
iPS:359671	5C2.015	2,8E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:359680	5C2.016	2,9E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
13	**11C1**			
iPS:335988	11C1	4,3E-03	1,24	0,65
iPS:361277	11C1.002	3,5E-03	0,40	0,39
iPS:361284	11C1.003	3,7E-03	0,73	0,48
iPS:3612	11C1.004	3,5E-03	0,29	0,33

91				
iPS:359714	11C1.005	3,9E-03	0,43	0,42
iPS:361295	11C1.006	4,1E-03	0,48	0,51
iPS:361299	11C1.007	4,1E-03	0,25	0,40
iPS:361303	11C1.008	3,7E-03	0,15	0,43
iPS:359705	11C1.009	5,3E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361307	11C1.010	3,6E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
14	**13H12**			
iPS:335980	13H12	1,5E-03	0,93	0,67
iPS:361314	13H12.002	1,1E-03	2,18	0,95
iPS:359746	13H12.003	2,0E-03	2,11	0,83
iPS:361321	13H12.004	1,8E-03	3,38	0,56
iPS:359739	13H12.005	2,7E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361328	13H12.006	6,3E-04	1,87	0,92
15	**12H11**			
iPS:335996	12H11	2,9E-03	3,17	0,79
iPS:361332	12H11.002	3,4E-03	1,01	0,45
iPS:3613	12H11.003	3,9E-03	0,71	0,60

39				
iPS:361346	12H11.004		> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361353	12H11.005	3,8E-03	1,28	0,61
iPS:361360	12H11.006	3,6E-03	0,47	0,59
iPS:361367	12H11.007	3,0E-03	0,76	0,56
iPS:361374	12H11.008	2,1E-03	0,95	0,56
iPS:361381	12H11.009	2,4E-03	0,77	0,60
iPS:361385	12H11.010	2,6E-03	1,09	0,71
iPS:361389	12H11.011	3,3E-03	0,56	0,47
iPS:361393	12H11.012	1,3E-03	0,43	0,57
iPS:361397	12H11.013	3,7E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
iPS:361404	12H11.014	3,6E-02	> [Ab] Được thử nghiệm	> [Ab] Được thử nghiệm
16	**2C2**			
iPS:336177	2C2.005	7,1E-04	0,89	0,61
iPS:361408	2C2.005.001	1,6E-03	0,73	0,96
iPS:361414	2C2.005.002	1,5E-03	0,94	0,95
iPS:361420	2C2.005.003	1,0E-03	0,86	1,23

iPS:361426	2C2.005.004	1,5E-03	0,97	1,26
iPS:361432	2C2.005.005	1,6E-03	0,07	0,85
iPS:361438	2C2.005.006	1,2E-03	0,69	0,97
iPS:361444	2C2.005.007	1,2E-03	0,62	0,76
iPS:361450	2C2.005.008	1,2E-03	0,78	0,65
iPS:361456	2C2.005.009	1,4E-03	0,82	0,68
iPS:361462	2C2.005.010	1,4E-03	0,76	0,58
iPS:361468	2C2.005.011	1,6E-03	0,75	0,49
iPS:361474	2C2.005.012	1,5E-03	0,69	0,50
iPS:361480	2C2.005.013	2,7E-03	1,33	1,23
iPS:361487	2C2.005.014	2,8E-03	2,23	1,14
iPS:361857	2C2.005.015	1,1E-03	3,07	0,83
17	**17B11**			
iPS:336171	17B11.002	3,1E-03	< 0,1nM	0,21
iPS:361493	17B11.002.001	2,8E-03	0,06	0,29
iPS:361501	17B11.002.002	3,0E-03	0,11	0,00
iPS:3615	17B11.002.0	2,1E-03	0,09	0,08

05	03			
iPS:361509	17B11.002.004	2,6E-03	0,82	0,17
iPS:361516	17B11.002.005	3,2E-03	0,22	0,08
iPS:360584	17B11.002.006	3,6E-03	0,17	0,00
iPS:361520	17B11.002.007	1,4E-02	0,96	0,90
iPS:360572	17B11.002.008	1,9E-02	6,37	7,89

Ví dụ 7

Fig.16 thể hiện khái quát thử nghiệm dược động lực ở chuột nhắt để thử nghiệm kháng thể kháng GIPR. Chuột nhắt đực C57BL/6 DIO 16 tuần tuổi được mua từ phòng thí nghiệm Jackson. Sau khi mua về, chuột nhắt được nhốt riêng lẻ và được tiếp tục nuôi bằng chế độ ăn giàu chất béo (60kcal % chất béo, chế độ ăn nghiên cứu) trong 2 tuần trước khi tiến hành nghiên cứu dược động học. Bốn ngày trước khi bắt đầu điều trị, đo lượng insulin và lượng glucoza khi được để đói 4 giờ. Thể trọng được ghi lại hai lần một tuần trong tuần trước khi bắt đầu điều trị và ngày bắt đầu điều trị. Chuột nhắt được chia ngẫu nhiên thành các nhóm và được nhận một trong số các chất điều trị sau: (1) chất dẫn (10mM axetat, 150mM NaCl, pH 5,0), (2) 0,008mg/kg 5G12.006, (3) 0,04mg/kg 5G12.006, (4) 0,2mg/kg 5G12.006, (5) 1mg/kg 5G12.006, (6) 5mg/kg 5G12.006. Tất cả các chất điều trị được sử dụng một lần một tuần qua đường trong màng bụng trong 4 tuần. Thể trọng được đo hai lần một tuần. Các kết quả được thể hiện trên Fig.17. Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 gắn kết với cả GIPR của chuột và của người.

Ví dụ 8

Thiết kế nghiên cứu được thể hiện trên Fig.18. Chuột nhắt đực C57BL/6 béo phì do chế độ ăn (Jackson Lab), 18 tuần tuổi khi bắt đầu thử nghiệm (được nuôi theo chế độ ăn giàu chất béo trong 12 tuần) được lấy ngẫu nhiên dựa vào thể trọng. Chuột nhắt được cho dùng liều mỗi tuần trong 4 tuần. Thể trọng được ghi lại hai lần một tuần; không được đo lượng glucoza khi đói vào ngày 18 và được đo lượng insulin khi đói vào ngày 29. Máu

khi kết thúc điều trị được thu gom để đo tổng lượng cholesterol, và lượng triglyxerit. Thử nghiệm dung nạp glucoza qua đường trong màng bụng (Intraperitoneal glucose tolerance test-IPGTT) được thực hiện với 1g/kg glucoza vào ngày 25 với 4 giờ để đói. Sau 4 tuần, nghiên cứu được kết thúc sau khi để đói 4 giờ. Các mẫu huyết thanh được thu gom và gan được xác định trọng lượng. Máu được lấy từ tĩnh mạch mạch đuôi hoặc chọc tim khi kết thúc thử nghiệm. Các mẫu huyết thanh được thu lấy bằng cách ly tâm các ống lấy máu ở tốc độ 10000 vòng/phút. Lượng insulin trong huyết thanh được xác định bằng cách sử dụng thử nghiệm ELISA xác định lượng insulin trong một khoảng rộng trên chuột nhắt (ALPCO Diagnostics). Lượng triglyxerit được đo bằng cách sử dụng kit thử nghiệm triglyxerit vô hạn (Thermo Scientific). Tổng lượng cholesterol được xác định bằng cách sử dụng kit xác định tổng lượng cholesterol vô hạn (Thermo Scientific). Cuối cùng, gan và lượng chất béo trong mào tinh hoàn được phân lập và được xác định trọng lượng bằng cách sử dụng cân.

Fig.19 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 dẫn đến làm giảm sự tăng thể trọng. Fig.20 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 dẫn đến cải thiện khả năng dung nạp glucoza. Fig.21 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 dẫn đến làm giảm lượng glucoza và insulin. Fig.22 thể hiện rằng việc điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 dẫn đến làm giảm trọng lượng gan. Fig.23 thể hiện rằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 tổng lượng cholesterol.

Ví dụ 9

Fig.24 thể hiện khái quát nghiên cứu được sử dụng để xác định các tác động của việc điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn (diet induced obese-DIO) bằng Ab của chuột nhắt kháng GIPR của chuột nhắt (2.63.1) kết hợp với chất chủ vận GLP-1R Liraglutide. Chuột nhắt đực C57BL/6 DIO được mua từ phòng thí nghiệm Jackson. Chuột nhắt được nhốt riêng rẽ và được tiếp tục nuôi bằng chế độ ăn giàu chất béo (60 kcal % chất béo, chế độ ăn nghiên cứu). Chuột nhắt 35 tuần tuổi được chia ngẫu nhiên thành các nhóm và được nhận bằng một trong số các chất điều trị dưới đây: A: chất dẫn (10mM axetat, 9% sucroza, pH 5,2, và dung dịch nước muối); B: 2.63.1 (30mg/kg, hai lần một tuần); C: Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày) và D: 2.63.1 (30mg/kg, hai lần một tuần) và Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày). Toàn bộ các chất điều trị được sử dụng qua đường trong màng bụng.

Các mẫu máu được lấy từ tĩnh mạch đuôi hoặc chọc tim khi kết thúc thử nghiệm. Lượng insulin trong huyết thanh được xác định bằng cách sử dụng thử nghiệm ELISA xác định insulin trong một khoảng rộng trên chuột nhắt (ALPCO Diagnostics). Lượng leptin trong huyết thanh được xác định bằng cách sử dụng kit ELISA xác định leptin trên chuột nhắt và chuột cống do BioVendor cung cấp. Lượng triglyxerit được xác định bằng cách sử dụng kit thử nghiệm xác định triglyxerit vô hạn (Thermo Scientific). Tổng lượng cholesterol được xác định bằng cách sử dụng kit xác định tổng lượng cholesterol vô hạn (Thermo Scientific). Kết thúc thử nghiệm, gan, lượng chất béo trong mào tinh hoàn và lượng chất béo ở bẹn được phân lập và được xác định trọng lượng bằng cách sử dụng cân.

Thành phần cơ thể được xác định bằng cách sử dụng thiết bị phân tích toàn bộ thành phần cơ thể sử dụng phần mềm minispec (Bruker).

Đối với thử nghiệm khả năng dung nạp glucoza qua đường miệng (oral glucose tolerance test-OGTT), chuột nhắt được để đói trong 4 giờ. Lượng glucoza được xác định và các mẫu máu được lấy ra từ tĩnh mạch đuôi trước khi bắt đầu thử nghiệm OGTT. Một liều lớn glucoza (2g/kg) được dùng qua đường miệng bằng cách sử dụng kim ống luồn. Lượng glucoza được đo ở các thời điểm 15, 30 và 60 phút sau khi sử dụng glucoza bằng thiết bị đo lượng glucoza (Abbott).

Fig.25-34 thể hiện rằng việc điều trị bằng một mình kháng thể kháng GIPR chuột nhắt (kháng thể 2.63.1) đã ngăn ngừa sự tăng trọng lượng, làm giảm lượng glucoza và insulin. Ngoài ra, có sự giảm mạnh trọng lượng khi điều trị bằng 2.63.1 kết hợp với Liraglutide. Tác dụng này được bổ sung nhiều hơn vì mức giảm thể trọng khi điều trị bằng hỗn hợp này là lớn hơn tổng mức giảm thể trọng đạt được khi điều trị bằng từng chất riêng rẽ, chứng tỏ có tác dụng hiệp đồng. Thể trọng giảm chủ yếu là do giảm khối lượng mỡ. Chuột nhắt có lượng glucoza và insulin cải thiện và khả năng dung nạp glucoza cải thiện khi điều trị bằng một mình Liraglutide và khi kết hợp. Chuột nhắt cũng có tổng lượng cholesterol trong huyết thanh giảm đáng kể.

Ví dụ 10

Fig.35 thể hiện khái quát nghiên cứu được sử dụng để xác định các tác động của việc điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn (DIO) bằng Ab chuột nhắt kháng GIPR chuột nhắt (2.63.1) kết hợp với các chất chủ vận GLP-1R Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV. Chuột nhắt đực C57BL/6 DIO được mua từ phòng thí

nghiệm Jackson. Chuột nhắt được nhốt riêng rẽ và được tiếp tục nuôi bằng chế độ ăn giàu chất béo (60 kcal% chất béo, chế độ ăn nghiên cứu) sau khi mua về. Chuột nhắt 37 tuần tuổi được chia ngẫu nhiên thành các nhóm và được nhận một trong số các chất điều trị sau: A: chất dẫn (10mM axetat, 9% sucroza, pH 5,2 một lần một tuần, và dung dịch nước muối một lần một ngày); B: 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần); C: Dulaglutide (1mg/kg, hai lần một tuần); D: 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) và Dulaglutide (1mg/kg, hai lần một tuần); E: Liraglutide (0.3mg/kg, một lần một ngày); F: 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) và Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày); G: Exendin IV (0,01mg/kg, một lần một ngày); H: 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) và Exendin IV (0,01mg/kg, một lần một ngày). Tất cả các chất điều trị được sử dụng qua đường trong màng bụng.

Các mẫu máu được lấy từ tĩnh mạch đuôi hoặc chọc tim khi kết thúc thử nghiệm. Lượng insulin trong huyết thanh được xác định bằng cách sử dụng thử nghiệm ELISA xác định insulin trong một khoảng rộng ở chuột nhắt (ALPCO Diagnostics). Lượng triglyxerit được đo bằng cách sử dụng kit thử nghiệm triglyxerit vô tận (Thermo Scientific). Tổng lượng cholesterol được đo bằng cách sử dụng kit thử nghiệm tổng lượng cholesterol vô tận (Thermo Scientific).

Thành phần cơ thể được xác định bằng cách sử dụng thiết bị phân tích toàn bộ thành phần cơ thể sử dụng phần mềm minispec (Bruker).

Đối với thử nghiệm dung nạp glucoza dùng qua đường miệng, chuột nhắt được để đói trong 4 giờ. Lượng glucoza được đo và các mẫu máu được lấy ra từ tĩnh mạch đuôi trước khi bắt đầu thử nghiệm OGTT. Một liều lớn glucoza (2g/kg) được dùng qua đường miệng bằng cách sử dụng kim ống luồn. Lượng glucoza được đo ở các thời điểm 15, 30 và 60 phút sau khi sử dụng glucoza bằng thiết bị đo glucoza (Abbott).

Nghiên cứu này đã chứng tỏ là Ab kháng GIPR 2.63.1 có tác dụng hiệp đồng đến sự giảm trọng lượng và giảm khối lượng mỡ với các chất chủ vận GLP-1R được thử nghiệm: Liraglutide, Dulaglutide, và Exendin IV (Fig.35-40).

Ví dụ 11

Fig.41 thể hiện khái quát nghiên cứu được sử dụng để xác định các tác động của việc điều trị mạn tính bằng Ab chuột nhắt kháng GIPR chuột nhắt (2.63.1) trên chuột béo phì do chế độ ăn (DIO) đã được điều trị trước bằng Liragutide. Chuột nhắt đực C57BL/6 DIO (17 tuần tuổi) được nuôi bằng chế độ ăn nghiên cứu D12492 (60% kcal chất béo)

trong 13 tuần được chia ngẫu nhiên thành các nhóm. Trong giai đoạn 1 (giai đoạn trước điều trị), chuột được cho dùng liều qua đường trong màng bụng hàng ngày trong 2 tuần bằng 1) dung dịch nước muối (0,9% natri clorua), 2) Liraglutide (BAChem #H-6724-0005) với lượng 0,05mg/kg, 3) Liraglutide với lượng 0,3mg/kg, hoặc 4) Liraglutide 0,3mg/kg kết hợp với một liều dùng hàng tuần của Ab chuột nhắt kháng GIPR chuột nhắt (2.63.1) trong chất dẫn (10mM axetat, 9% sucroza, pH 5,2) với lượng 25mg/kg; ll nhóm khác (1-3) nhận một liều chất dẫn dùng hằng tuần. Trong giai đoạn 2 (giai đoạn thử nghiệm) điều trị bằng Ab chuột nhắt kháng GIPR chuột nhắt (2.63.1) được bắt đầu ở các con chuột đã được điều trị trước bằng Liraglutide. Lượng glucoza trong máu được đo từ các xoang hốc mắt bằng cách sử dụng thiết bị đo glucoza (Abbott) sau khi chuột được để đói trong 4 giờ trước khi bắt đầu giai đoạn 1, cuối giai đoạn 1, và ở cuối thử nghiệm. Lượng insulin được xác định bằng cách sử dụng thử nghiệm ELISA xác định insulin trong một khoảng rộng ở chuột nhắt (ALPCO Diagnostics). Mức hấp thu thức ăn được lấy trung bình trong ba ngày khi bắt đầu giai đoạn 1, bắt đầu giai đoạn 2, và cuối giai đoạn 2. Khi mổ tử thi mô mỡ trắng (mào tinh hoàn và bẹn) được thu gom cùng với máu lấy lần cuối. Huyết tương được phân tích trên thiết bị phân tích hóa học Olympus đối với các enzym gan, cholesterol, triglyxerit, và NEFA. Huyết tương được phân tích các hocmon chuột nhắt trong thử nghiệm đa thành phần chuyển hóa ở chuột nhắt (MMHMAG-44K – EMD Millipore). Các số liệu này chứng tỏ là tác dụng giảm trọng lượng của kháng thể kháng GIPR có thể được theo dõi ở các con chuột đã được điều trị bằng liệu pháp chất chủ vận GLP-1R (Fig.42-47).

Ví dụ 12.

Để kiểm tra các tác dụng của một mình kháng thể đối kháng GIPR hoặc khi kết hợp với chất chủ vận GLP1R, mô hình động vật linh trưởng không phải người (non-human primate-NHP) được sử dụng.

Khỉ đực cynomolgus bị béo phì tự phát, chưa từng được thí nghiệm (*Macaca fascicularis*) được thích nghi và làm quen với các quy trình thử nghiệm và được phân loại thành bốn nhóm thử nghiệm cuối mỗi nhóm n=10 con khỉ:

Loài:	*Macaca fascicularis*
Thể trọng:	>7,0kg
Khoảng BMI:	>41kg/m^2
Khoảng tuổi:	10-15 tuổi

Nguồn: bầy KBI

Số và giới tính: 40/đực

Các con khỉ được cho dùng chất dẫn, Ab đối kháng GIPR 2G10_LC1.006 ("2G10"), chất chủ vận GLP1R dulaglutide, hoặc tổ hợp của 2G10_LC1.006 và dulaglutide (đồng sử dụng) theo phác đồ sử dụng đặc biệt nêu trong Fig.48.

Dulaglutide được đưa vào các nhóm thích hợp theo kiểu nạp liều trong 18 ngày trước khi điều trị bằng 2G10_LC1.006. Các nhóm không nhận dulaglutide được điều trị bằng dung dịch đệm dulaglutide trong thời gian này.

Các mục tiêu chính của nghiên cứu là thể trọng, hấp thu thức ăn và sau điều trị OGTT. Các thông số hóa học lâm sàng cũng được phân tích (Fig.48-57). Ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát, chưa từng thử nghiệm, việc điều trị hằng tuần bằng 2G10 trong 5 tuần đã làm giảm thể trọng và lượng triglyxerit khi đói đồng thời cũng ngăn ngừa tình trạng tăng insulin cũng như là glucoza khi đói và AUC của insulin trong thử nghiệm OGTT. Thể trọng, lượng insulin và triglyxerit được giảm hơn nữa ở các nhóm khỉ được điều trị bằng 2G10 và Dulaglutide so với nhóm khỉ chỉ được điều trị bằng Dulaglutide.

Ví dụ 13.

mAb 2G10_LC1.006 (sau đây và trong các hình vẽ được gọi là"2G10) được biểu hiện trong các tế bào 293-6E. Protein được tinh chế bằng cột mAb SelectSure và được tinh chế tiếp trên cột loại trừ theo kích thước. mAb đã tinh chế được phân cắt bằng papain đã cố định ở nhiệt độ 37°C trong 4 giờ. Fab và Fc phân cắt được tách ra bằng cột SelectSure mAb. Đoạn Fab được tinh chế trên cột trao đổi ion.

Vị trí phân cắt caspaza 3 được thao tác di truyền ở vùng bản lề của các kháng thể dưới đây để cho phép phân cắt hiệu quả Fc: 2C2.005.014 (dưới đây và trong các hình vẽ này được gọi là "2C2"), 6H1.004 (dưới đây và trong các hình vẽ được gọi là "6H1") và 17H11.004.001 (dưới đây và trong các hình vẽ được gọi là "17H11"). Các kháng thể được biểu hiện trong các tế bào 293-6E và được tinh chế bằng cột mAb Select Sure. mAb đã tinh chế được phân cắt bằng Caspaza 3 ở nhiệt độ 4°C qua đêm. Fc, mAb không được phân cắt và Caspaza 3 được loại bỏ bằng cột His-Trap và mAb SelectSure nối tiếp. Đoạn Fab được tinh chế trên cột loại trừ theo kích thước.

EDC GIPR của người (axit amin 24-138) và một phiên bản cụt của ECD GIPR của người (axit amin 24-123) được biểu hiện trong E.coli dưới dạng các thể vùi. Thể vùi

được hòa tan và được gấp lại. ECD GIPR của người gấp lại được tinh chế trên cột MonoQ và loại trừ theo kích thước, và tinh chế trên cột loại trừ kích thước.

1. Kết tinh và tinh chế phức hợp

Các phức hợp huGIPR-Fab dưới đây được tạo thành bằng cách trộn các đoạn Fab và huGIPR với tỷ lệ mol dư:

1). ECD GIPR của người (24-138) với Fab 2G10,

2). ECD GIPR của người (24-138) với Fab 2C2,

3). ECD GIPR của người (24-138) với Fab 6H1,

4). ECD GIPR của người (24-123) với Fab 17H11.

Các phức hợp này được ủ trên đá trong 30 phút và được tinh chế trên cột Supderdex 75 16/600. Các phức hợp đã tinh chế được cô đến nồng độ 10-15mg/ml và được sàng lọc dựa vào các kỹ thuật sàng lọc kết tinh công suất lớn trên thị trường. Các tinh thể được quan sát trong các điều kiện dưới đây đối với mỗi phức hợp:

ECD huGIPR (24-138) với Fab2G10: 10% PEG4000 và 20% isopropanol.

ECD huGIPR (24-138) với Fab2C2: 20-35% PEG4000, 0,2M MgCl2, 0,1M Hepes hoặc Tris pH 7,0-8,5,

ECD huGIPR (24-138) với Fab 6H1: 20% PEG4000, 0,1M Na Xitrat, pH 5,5 18% isopropanol

ECD huGIPR (24-123) với Fab17H11: 20% PEG4000, 18-20% isopropanol, 0,1M Na Xitrat pH 5,5 hoặc 0,1M MES, pH 6,0

2. Thu thập số liệu và xác định cấu trúc

Các tinh thể được đông lạnh nhanh trong nitơ lỏng với 25% glyxerol được bổ sung vào dung dịch hoặc dầu thích hợp làm chất bảo vệ đông lạnh. Bộ số liệu phân giải cao được thu thập ở Advanced Light Source, Lawrence Berkeley National Lab (Berkeley, CA) và Advanced Photon Source, Argonne National lab (Chicago, IL). Số liệu được xử lý bằng XDS và được hiệu chỉnh bằng chương trình AIMLESS trong bộ chương trình CCP4. Cấu trúc được xác định bằng phương pháp thay thế phân tử nhờ chương trình PHASER sử dụng cấu trúc vùng gấp ECD huGIPR đã công bố (mã PDB: 4HJ0) và vùng gấp cố định và biến đổi của cấu trúc Fab (số liệu nội bộ Amgen) làm mô hình nghiên cứu. Quá trình lọc cấu trúc lặp lại được tiến hành bằng chương trình REFMAC5 trong bộ chương trình CCP4 hoặc phần mềm Phenix.refine và xây dựng mô hình được tiến hành trong chương trình COOT.

Phân tích bề mặt chung được tiến hành bằng chương trình PISA, AREAMOL và NCONTACT trong gói chương trình CCP4. Hình vẽ được chuẩn bị bằng phần mềm Pymol.

3. Kết quả

A. Cấu trúc toàn diện của các phức hợp huGIPR-Fab

Phức hợp huGIPR-Fab 2G10 được kết tinh và cấu trúc được xác định ở độ phân giải 1,9Å. Có hai cặp phức hợp huGIPR-Fab 2G10 trong đơn vị bất đối (Fig.57). Mỗi phức hợp gồm một phân tử ECD huGIPR và một đoạn Fab 2G10. Phân tử huGIPR duy trì kiểu gấp αββα điển hình tương tự với các vùng gấp ECD GPCR lớp B khác, như GCGR và GLP1R. Fab 2G10 sử dụng cả sáu vòng CDR của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng để tương tác với vùng gấp ECD huGIPR (Fig.58A). Bề mặt chung trên ECD huGIPR bao gồm α1, vòng β1-β2, vòng β3-β4, vòng β4-αC và αC. Lưu ý là đoạn αC bị xáo trộn trong cấu trúc phức hợp GIPR-GIP được xác định trước đó. Diện tích bề mặt có thể tiếp cận được bao phủ bởi dung môi trên huGIPR là 1184 $Å^2$, trong đó 917$Å^2$ bị chiếm bởi chuỗi nặng 2G10 và 267$Å^2$ bởi chuỗi nhẹ.

Cấu trúc đồng tinh thể của phức hợp huGIPR-Fab 2C2 được xác định ở độ phân giải 2,3Å. Có hai cặp phức hợp huGIPR-Fab 2C2 trong đơn vị bất đối (Fig.59). Mỗi phức hợp bao gồm một phân tử ECD huGIPR và một đoạn Fab 2C2. Fab 2C2 sử dụng CDR H1 và H3 của chuỗi nặng và CDR L2 của chuỗi nhẹ để tương tác với vùng gấp ECD huGIPR (Fig.60A). Bề mặt chung trên vùng gấp ECD huGIPR bao gồm α1, vòng β1-β2, vòng β3-β4, và vòng dài sau β4. Chuỗi xoắn αC bị xáo trộn trong phức hợp huGIPR-Fab 2C2 (Fig.60B). Tổng diện tích bề mặt có thể tiếp cận được bao phủ bởi dung môi giữa huGIPR và Fab 2C2 là 1078 $Å^2$, trong đó 806 $Å^2$ bị chiếm bởi chuỗi nặng 2C2 và 272 $Å^2$ bởi chuỗi nhẹ.

Cấu trúc phức hợp của huGIPR-Fab 6H1 được xác định ở độ phân giải 2,65Å. Có một cặp phức hợp huGIPR-Fab 6H1 trong đơn vị bất đối (Fig.61). Fab 6H1 sử dụng toàn bộ sáu vòng CDR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ để tương tác với vùng gấp ECD huGIPR (Fig.62A). Bề mặt chung trên vùng gấp ECD huGIPR bao gồm α1, vòng β1-β2, vòng β3-β4, và một phần nhỏ của vòng sau β4 (Fig.62B). Chuỗi xoắn αC được làm xáo trộn trong phức hợp huGIPR-Fab 6H1. Tổng diện tích bề mặt có thể tiếp cận được bao phủ bởi dung môi giữa huGIPR và Fab 6H1 là 784 $Å^2$, trong đó 505 $Å^2$ bị chiếm bởi chuỗi nặng Fab 6H1 và 279 $Å^2$ bởi chuỗi nhẹ.

Cấu trúc phức hợp của huGIPR-Fab 17H11 được xác định ở độ phân giải 1,6Å. Có một cặp phức hợp huGIPR-Fab 17H11 trong đơn vị bất đối (Fig.63). Fab 17H11 sử dụng toàn bộ sáu vòng CDR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ để tương tác với vùng gấp ECD huGIPR (Fig.64A). Bề mặt chung trên vùng gấp ECD huGIPR bao gồm α1, vòng β1-β2, vòng β3-β4, và một phần của vòng sau β4. Tổng diện tích bề mặt có thể tiếp cận được bao phủ bởi dung môi giữa huGIPR và Fab 17H11 là 739 $Å^2$, trong đó 299 $Å^2$ bị chiếm bởi chuỗi nặng Fab 17H11 và 440 $Å^2$ bởi chuỗi nhẹ.

B. Phân tích bề mặt chung

Hai phương pháp khác nhau được sử dụng để xác định các gốc bề mặt chung. Trong phương pháp thứ nhất, các gốc bề mặt chung được xác định bằng cách sử dụng mức chênh lệch tiếp xúc dung môi. Diện tích bề mặt có thể tiếp cận dung môi (solvent accessible surface area-ASA) được tính toán đối với mỗi gốc trong vùng gấp ECD huGIPR trong phức hợp và được so sánh với diện tích bề mặt có thể tiếp cận dung môi của gốc tương ứng tách khỏi phức hợp. Toàn bộ axit amin có ASA khác được coi là gốc bề mặt chung.

Trong phương pháp thứ hai, các gốc bề mặt chung được chọn sao cho có ít nhất một nguyên tử nằm trong một khoảng cách tiền định so với protein đối tác của nó. Hai vỏ được xác định dựa vào khoảng cách.

1) Vỏ tương tác lõi bao gồm toàn bộ các gốc có khoảng cách nhỏ hơn 5,0Å.

2) Vỏ ranh giới bao gồm toàn bộ các gốc có khoảng cách lớn hơn 5,0Å, nhưng nhỏ hơn 8,0Å so với protein đối tác.

Danh mục đầy đủ của các gốc axit amin của ECD GIPR của người mà tương tác với bốn Fab được nêu trong các bảng dưới đây.

Bảng 10. Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 2G10 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 11. Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 2C2 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 12. Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 6H1 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 13: Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 17H11 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Các gốc quan trọng trên ECD GIPR của người mà tạo liên kết hydro hoặc các tương tác cầu muối với Fab được thể hiện trong Bảng 14.

Bằng cách sử dụng các phương pháp tương tự, các tác giả sáng chế đã xác định được các gốc paratop của mỗi kháng thể trong số các kháng thể và các kết quả được thể hiện trong các bảng dưới đây.

Bảng 15: Các gốc paratop Fab 2G10 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 16: Các gốc paratop Fab 2C2 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 17: Các gốc paratop Fab 6H1 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Bảng 18: Các gốc paratop Fab 17H11 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Epitop của kháng thể Gipg013 (Structural and Pharmacological Characterization of Novel Potent and Selective Monoclonal Antibody Antagonists of Glucose-dependent Insulinotropic Polypeptide Receptor. Ravn, *et al.* J Biol Chem. 2013 Jul 5;288(27):19760-72.) được phân tích từ cấu trúc đã công bố 4HJ0 sử dụng các phương pháp này. Các kết quả được thể hiện trong bảng 19.

Fig.65 thể hiện rõ epitop của bốn kháng thể (2G10, 2C2, 6H1 và 17H11) và kháng thể đã công bố trước đó Gipg013 (PDB 4HJ0) trên bề mặt vùng gấp ECD GIPR của người.

Cấu trúc tinh thể có độ phân giải cao cho phép xác định bề mặt chung giữa ECD huGIPR và bốn kháng thể. Bằng cách sử dụng hai phương pháp khác nhau, các gốc axit amin cụ thể có liên quan đến việc nhận diện được lập bản đồ. Yêu cầu không gian và bản chất tương tác của mọi gốc bề mặt chung được chỉ rõ.

Bảng 10: Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 2G10 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Các gốc GIPR nằm		Các gốc GIPR nằm		Gốc GIPR được xác định bởi mức

trong khoảng 5A của 2G10			trong khoảng 8A của 2G10			chênh lệch ASA	
30	GLN		29	GLY		30	GLN
31	THR		30	GLN		31	THR
32	ALA		31	THR		32	ALA
33	GLY		32	ALA		33	GLY
34	GLU		33	GLY		34	GLU
35	LEU		34	GLU		35	LEU
36	TYR		35	LEU		36	TYR
37	GLN		36	TYR		37	GLN
39	TRP		37	GLN		39	TRP
66	ASP		38	ARG		66	ASP
67	MET		39	TRP		67	MET
68	TYR		40	GLU		68	TYR
87	TYR		43	ARG		87	TYR
88	LEU		65	PHE		88	LEU
89	PRO		66	ASP		89	PRO
90	TRP		67	MET		90	TRP
101	ARG		68	TYR		101	ARG
113	ARG		69	VAL		113	ARG
115	HIS		71	TRP		115	HIS
119	GLU		85	PRO		119	GLU
123	LYS		87	TYR		120	ASN
125	GLU		88	LEU		123	LYS
128	LEU		89	PRO		125	GLU
129	ASP		90	TRP		128	LEU
132	ARG		101	ARG		129	ASP
133	LEU		111	LEU		132	ARG
			112	TRP		133	LEU
			113	ARG			

			115	HIS			
			116	THR			
			118	CYS			
			119	GLU			
			120	ASN			
			122	GLU			
			123	LYS			
			124	ASN			
			125	GLU			
			126	ALA			
			128	LEU			
			129	ASP			
			130	GLN			
			131	ALA			
			132	ARG			
			133	LEU			
			134	ILE			

Bảng 11: Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 2C2 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Gốc GIPR nằm trong khoảng 5A của 2C2			Gốc GIPR nằm trong khoảng 8 A của 2C2			Gốc GIPR được xác định bởi mức chênh lệch ASA	
31	THR		30	GLN		32	ALA
32	ALA		31	THR		35	LEU
35	LEU		32	ALA		36	TYR
36	TYR		33	GLY		39	TRP
39	TRP		34	GLU		62	ASN
62	ASN		35	LEU		64	SER
64	SER		36	TYR		65	PHE

65	PHE		39	TRP		66	ASP
66	ASP		40	GLU		67	MET
67	MET		43	ARG		68	TYR
68	TYR		47	GLN		87	TYR
71	TRP		60	ALA		88	LEU
87	TYR		61	CYS		89	PRO
88	LEU		62	ASN		90	TRP
89	PRO		63	GLY		101	ARG
90	TRP		64	SER		104	GLY
101	ARG		65	PHE		105	SER
104	GLY		66	ASP		106	ASP
105	SER		67	MET		108	GLN
106	ASP		68	TYR		109	TRP
108	GLN		69	VAL		110	GLY
109	TRP		71	TRP		111	LEU
110	GLY		77	ASN		112	TRP
111	LEU		85	PRO		113	ARG
112	TRP		87	TYR		114	ASP
113	ARG		88	LEU		115	HIS
114	ASP		89	PRO		116	THR
115	HIS		90	TRP		118	CYS
116	THR		99	VAL		119	GLU
119	GLU		100	LEU		120	ASN
			101	ARG			
			102	GLN			
			103	CYS			
			104	GLY			
			105	SER			
			106	ASP			
			107	GLY			
			108	GLN			

			109	TRP			
			110	GLY			
			111	LEU			
			112	TRP			
			113	ARG			
			114	ASP			
			115	HIS			
			116	THR			
			117	GLN			
			118	CYS			
			119	GLU			
			120	ASN			
			121	PRO			

Bảng 12: Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 6H1 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Các gốc GIPR nằm trong khoảng 5A của 6H1			Các gốc GIPR nằm trong khoảng 8A của 6H1			Các gốc GIPR được xác định bởi mức chênh lệch ASA	
32	ALA		32	ALA		32	ALA
33	GLY		33	GLY		33	GLY
34	GLU		34	GLU		34	GLU
36	TYR		35	LEU		35	LEU
37	GLN		36	TYR		36	TYR
40	GLU		37	GLN		37	GLN
43	ARG		38	ARG		39	TRP
35	LEU		39	TRP		40	GLU
39	TRP		40	GLU		43	ARG
66	ASP		43	ARG		66	ASP
67	MET		67	MET		67	MET

87	TYR		65	PHE		68	TYR
88	LEU		66	ASP		87	TYR
89	PRO		68	TYR		88	LEU
90	TRP		85	PRO		89	PRO
111	LEU		87	TYR		90	TRP
112	TRP		88	LEU		111	LEU
115	HIS		89	PRO		112	TRP
119	GLU		90	TRP		113	ARG
120	ASN		111	LEU		115	HIS
			112	TRP		118	CYS
			113	ARG		119	GLU
			114	ASP		120	ASN
			115	HIS			
			118	CYS			
			119	GLU			
			120	ASN			
			121	PRO			

Bảng 13: Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab 17H11 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách.

Các gốc GIPR nằm trong khoảng 5A của 17H11			Các gốc GIPR nằm trong khoảng 8A của 17H11			Các gốc GIPR được xác định bởi mức chênh lệch ASA	
30	GLN		30	GLN		30	GLN
31	THR		31	THR		31	THR
32	ALA		32	ALA		32	ALA
33	GLY		33	GLY		33	GLY
35	LEU		34	GLU		34	GLU
36	TYR		35	LEU		35	LEU

37	GLN		36	TYR		36	TYR
39	TRP		37	GLN		37	GLN
40	GLU		38	ARG		39	TRP
43	ARG		39	TRP		40	GLU
66	ASP		40	GLU		43	ARG
67	MET		43	ARG		66	ASP
68	TYR		65	PHE		67	MET
87	TYR		66	ASP		68	TYR
88	LEU		67	MET		87	TYR
89	PRO		68	TYR		88	LEU
90	TRP		69	VAL		89	PRO
113	ARG		71	TRP		90	TRP
115	HIS		85	PRO		111	LEU
119	GLU		87	TYR		112	TRP
			88	LEU		113	ARG
			89	PRO		114	ASP
			90	TRP		115	HIS
			99	VAL		116	THR
			101	ARG		119	GLU
			111	LEU		120	ASN
			113	ARG			
			114	ASP			
			115	HIS			
			116	THR			
			118	CYS			
			119	GLU			
			120	ASN			

Bảng 14: Danh mục các tương tác của gốc bề mặt chung

Các tương tác giữa chuỗi nặng Fab 2G10 và huGIPR

Các tương tác liên kết hydro

---.---.---

huGIPR | Khoảng cách | 2G10 HC

---+---+---

TYR 36 [OH] | 2,8 | GLN 100 [OE1]

ARG 113 [NH1] | 3,1 | ASN 31 [OD1]

ARG 113 [NH2] | 3,1 | SER 30 [O]

LYS 123 [NZ] | 2,9 | ASP 54 [O]

ARG 132 [NH2] | 3,2 | LYS 58 [O]

---'---'---

Cầu muối

---.---.---

huGIPR | Khoảng cách | 2G10 HC

--- ---+---+---

HIS 115 [NE2] | 3,0 | ASP 54 [OD2]

GLU 125 [OE1] | 3,4 | LYS 58 [NZ]

ASP 129 [OD1] | 2,9 | LYS 58 [NZ]

ASP 129 [OD2] | 3,1 | LYS 58 [NZ]

---'---'---

Các tương tác giữa chuỗi nhẹ Fab 2G10 và huGIPR

Các liên kết hydro

---.---.---

huGIPR | Khoảng cách | 2G10 LC

---+---+---

ALA 32 [N] | 3,4 | ASN 93 [OD1]

ALA 32 [N] | 3,0 | ASN 92 [O]

GLY 33 [N] | 2,4 | ASN 92 [O]

GLN 37 [OE1] | 3,2 | ASN 32 [ND2]

---'---'---

Các tương tác giữa chuỗi nặng Fab 2C2 và huGIPR

Các liên kết hydro

huGIPR	Khoảng cách	2C2 HC
ARG 113 [O]	3,3	TYR 32 [OH]
LEU 111 [O]	3,5	ARG 98 [NH2]
ASP 66 [OD2]	2,7	TYR 113 [OH]
ARG 113 [NH2]	2,6	GLY 100 [O]

Các tương tác giữa chuỗi nhẹ Fab 2C2 và huGIPR

Liên kết hydro

huGIPR	Khoảng cách	2C2 LC
SER 57 [OG]	3,1	ASP 106 [OD1]
GLY 58 [N]	2,8	ASP 106 [OD2]
ARG 55 [NE]	2,6	GLN 108 [OE1]
TYR 50 [OH]	3,2	ARG 101 [NH2]
GLN 54 [OE1]	3,5	ASN 62 [ND2]
PRO 56 [O]	3,0	GLN 108 [NE2]
VAL 59 [O]	3,1	:GLN 108 [NE2]

Các tương tác giữa chuỗi nặng Fab 6H1 và huGIPR

Liên kết hydro

huGIPR	Khoảng cách	6H1 HC
LEU 111 [O]	3,8	TYR 31 [OH]

Các tương tác giữa chuỗi nhẹ Fab 6H1 và huGIPR

huGIPR | Khoảng cách | 6H1 LC

GLU 34 [N] | 3,6 | L:ASN 92 [O]

Các tương tác giữa chuỗi nặng Fab 17H11 và huGIPR

Liên kết hydro

huGIPR | Khoảng cách | 17H11 HC

GLN 37 [NE2] | 3,3 | SER 31 [O]

ARG 43 [NH2] | 3,8 | TYR 33 [OH]

GLU 40 [OE2] | 3,0 | TYR 33 [OH]

Các tương tác giữa chuỗi nhẹ Fab 17H11 và huGIPR

Liên kết hydro

huGIPR | Khoảng cách | 17H11 LC

ALA 32 [N] | 3,0 | GLN 55 [OE1]

GLN 30 [O] | 3,9 | TYR 49 [OH]

Bảng 15: Các gốc paratop Fab 2G10 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách

Chuỗi nặng 2G10						Chuỗi nhẹ 2G10					
Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA		Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA	
số	gốc	số	gốc	số	gốc	số	gốc	số	gốc	số	gốc
30	SER	28	THR	30	SER	30	SER	29	VAL	30	SER
31	ASN	29	PHE	31	ASN	32	ASN	30	SER	31	SER
32	TYR	30	SER	32	TYR	49	TYR	31	SER	32	ASN

52	TRP	31	ASN	51	ILE	91	TYR	32	ASN	49	TYR
53	PHE	32	TYR	52	TRP	92	ASN	33	LEU	91	TYR
54	ASP	33	GLY	53	PHE	93	ASN	46	LEU	92	ASN
55	ALA	50	ALA	54	ASP	94	TRP	49	TYR	93	ASN
56	SER	51	ILE	55	ALA	96	LEU	50	GLY	94	TRP
57	ASP	52	TRP	56	SER			53	THR	96	LEU
58	LYS	53	PHE	57	ASP			90	GLN		
59	TYR	54	ASP	58	LYS			91	TYR		
60	TYR	55	ALA	59	TYR			92	ASN		
65	LYS	56	SER	60	TYR			93	ASN		
66	GLY	57	ASP	65	LYS			94	TRP		
67	ARG	58	LYS	66	GLY			95	PRO		
69	THR	59	TYR	67	ARG			96	LEU		
70	ILE	60	TYR	68	PHE						
71	SER	61	ALA	69	THR						
84	ASN	62	ASP	71	SER						
100	GLN	64	VAL	72	ARG						
101	ALA	65	LYS	84	ASN						
102	ILE	66	GLY	100	GLN						
103	PHE	67	ARG	101	ALA						
105	VAL	68	PHE	102	ILE						
		69	THR	103	PHE						
		70	ILE	105	VAL						
		71	SER	106	VAL						
		72	ARG								
		73	ASP								
		74	ASN								
		75	SER								
		82	GLN								
		84	ASN								
		85	SER								

		98	ARG									
		99	ASP									
		100	GLN									
		101	ALA									
		102	ILE									
		103	PHE									
		104	GLY									
		105	VAL									
		106	VAL									
		108	ASP									

Bảng 16: Các gốc paratop Fab 2C2 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách

Chuỗi nặng 2C2							Chuỗi nhẹ 2C2					
Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA			Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA	
số	gốc	số	gốc	số	gốc		số	gốc	số	gốc	số	gốc
2	MET	1	GLN	2	MET		47	LEU	32	GLN	47	LEU
26	GLY	2	MET	26	GLY		50	TYR	33	THR	50	TYR
27	TYR	25	SER	27	TYR		54	GLN	35	ASN	54	GLN
28	THR	26	GLY	28	THR		55	ARG	37	TYR	55	ARG
32	TYR	27	TYR	30	THR		56	PRO	46	LYS	56	PRO
98	ARG	28	THR	32	TYR		57	SER	47	LEU	57	SER
100	GLY	29	PHE	98	ARG		58	GLY	48	LEU	58	GLY
101	ASP	30	THR	100	GLY		59	VAL	49	ILE	59	VAL
102	TYR	31	GLY	101	ASP		61	ASP	50	TYR	61	ASP
104	PHE	32	TYR	102	TYR				51	THR		
105	GLY	54	ASN	104	PHE				53	ASN		
107	TYR	98	ARG	105	GLY				54	GLN		
110	HIS	99	GLY	107	TYR				55	ARG		

111	TYR	100	GLY	110	HIS				56	PRO		
112	TYR	101	ASP	111	TYR				57	SER		
113	TYR	102	TYR	112	TYR				58	GLY		
116	ASP	103	VAL	113	TYR				59	VAL		
		104	PHE	116	ASP				60	PRO		
		105	GLY						61	ASP		
		106	THR						62	ARG		
		107	TYR						63	PHE		
		108	ARG									
		109	PRO									
		110	HIS									
		111	TYR									
		112	TYR									
		113	TYR									
		114	GLY									
		115	MET									
		116	ASP									
		117	VAL									
		118	TRP									

Bảng 17: Các gốc paratop Fab 6H1 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách

Chuỗi nặng 6H1							Chuỗi nhẹ 6H1					
Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA			Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA	
số	gốc	số	gốc	số	gốc		số	gốc	số	gốc	số	gốc
28	THR	26	GLY	28	THR		32	TYR	29	ILE	32	TYR
31	TYR	27	PHE	30	SER		49	TYR	30	ARG	49	TYR
32	PHE	28	THR	31	TYR		50	GLY	31	ASP	50	GLY
52	TRP	29	PHE	32	PHE		53	SER	32	TYR	53	SER
53	TYR	30	SER	52	TRP		55	GLN	33	LEU	55	GLN

98	ARG	31	TYR	53	TYR		91	HIS	46	LEU	91	HIS
100	GLY	32	PHE	77	ASN		92	ASN	48	ILE	92	ASN
101	THR	52	TRP	98	ARG		93	ASN	49	TYR	93	ASN
102	ILE	53	TYR	100	GLY		94	TYR	50	GLY	94	TYR
103	PHE	54	ASP	101	THR				51	ALA	96	PHE
105	VAL	56	SER	102	ILE				52	SER		
106	LEU	57	ASN	103	PHE				53	SER		
		59	TYR	105	VAL				54	LEU		
		74	ASN	106	LEU				55	GLN		
		77	ASN	109	ASP				56	SER		
		98	ARG						90	GLN		
		99	ASP						91	HIS		
		100	GLY						92	ASN		
		101	THR						93	ASN		
		102	ILE						94	TYR		
		103	PHE						96	PHE		
		104	GLY									
		105	VAL									
		106	LEU									
		107	LEU									
		109	ASP									
		110	TYR									

Bảng 18: Các gốc paratop Fab 17H11 được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách

Chuỗi nặng 17H11							Chuỗi nhẹ 17H11					
Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA			Ngưỡng khoảng cách 5A		Ngưỡng khoảng cách 8 A		Mức chênh lệch ASA	
số	gốc	số	gốc	số	gốc		số	gốc	số	gốc	số	gốc
31	SER	30	SER	31	SER		30	ILE	27	GLN	30	ILE
32	TYR	31	SER	32	TYR		31	ILE	28	GLY	31	ILE

33	TYR	32	TYR	33	TYR		32	TRP	29	LEU	32	TRP
52	TYR	33	TYR	52	TYR		46	LEU	30	ILE	46	LEU
97	ARG	52	TYR	97	ARG		49	TYR	31	ILE	49	TYR
98	ASP	97	ARG	98	ASP		52	SER	32	TRP	50	ALA
99	VAL	98	ASP	99	VAL		53	SER	34	ALA	52	SER
100	ALA	99	VAL	100	ALA		54	LEU	46	LEU	53	SER
101	VAL	100	ALA	101	VAL		55	GLN	47	LEU	54	LEU
102	ALA	101	VAL	102	ALA		56	SER	48	ILE	55	GLN
105	ASP	102	ALA	105	ASP		67	SER	49	TYR	56	SER
		103	GLY				91	THR	50	ALA	66	GLY
		104	PHE				92	ASN	51	ALA	67	SER
		105	ASP						52	SER	91	THR
		106	TYR						53	SER	92	ASN
									54	LEU		
									55	GLN		
									56	SER		
									57	GLY		
									65	SER		
									66	GLY		
									67	SER		
									68	GLY		
									71	PHE		
									90	GLN		
									91	THR		
									92	ASN		
									93	SER		
									94	PHE		

Bảng 19 Các gốc epitop ECD GIPR trong phức hợp GIPR-Fab Gipg013 (PDB 4HJ0) được xác định bởi mức chênh lệch tiếp xúc với dung môi và phương pháp xác định ngưỡng khoảng cách

Các gốc GIPR nằm trong khoảng 5A của	Các gốc GIPR nằm trong khoảng 8A		Các gốc GIPR được xác định bởi mức chênh lệch

Gipg013		của Gipg013			ASA	
số	gốc	số	gốc		số	gốc
32	ALA	31	THR		32	ALA
33	GLY	32	ALA		33	GLY
35	LEU	33	GLY		35	LEU
36	TYR	34	GLU		36	TYR
37	GLN	35	LEU		37	GLN
39	TRP	36	TYR		39	TRP
40	GLU	37	GLN		40	GLU
43	ARG	38	ARG		43	ARG
47	GLN	39	TRP		44	ARG
65	PHE	40	GLU		47	GLN
66	ASP	41	ARG		65	PHE
67	MET	43	ARG		66	ASP
68	TYR	44	ARG		67	MET
87	TYR	47	GLN		68	TYR
88	LEU	64	SER		87	TYR
89	PRO	65	PHE		88	LEU
90	TRP	66	ASP		89	PRO
113	ARG	67	MET		90	TRP
115	HIS	68	TYR		111	LEU
119	GLU	69	VAL		113	ARG
121	PRO	71	TRP		115	HIS
122	GLU	85	PRO		119	GLU
		87	TYR		121	PRO
		88	LEU		122	GLU
		89	PRO			
		90	TRP			
		91	HIS			
		99	VAL			
		101	ARG			

		108	GLN			
		111	LEU			
		112	TRP			
		113	ARG			
		114	ASP			
		115	HIS			
		116	THR			
		117	GLN			
		118	CYS			
		119	GLU			
		120	ASN			
		121	PRO			
		122	GLU			

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập mà gắn kết đặc hiệu với polypeptit của thụ thể peptit ức chế dạ dày của người (gastric inhibitory peptit receptor-GIPR), trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể hoặc một đoạn của nó, và trong đó kháng thể này chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3, trong đó CDRL1 chứa SEQ ID NO: 702; CDRL2 chứa SEQ ID NO: 859; CDRL3 chứa SEQ ID NO: 1016; CDRH1 chứa SEQ ID NO: 1173; CDRH2 chứa SEQ ID NO: 1330; và CDRH3 chứa SEQ ID NO: 1487.

2. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 1, trong đó GIPR của người này có trình tự bao gồm trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 3141, SEQ ID NO: 3143, và SEQ ID NO: 3145.

3. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 1 hoặc 2, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể đơn dòng, kháng thể đa dòng, kháng thể tái tổ hợp, kháng thể của người, kháng thể được làm tương thích với người, kháng thể khảm, kháng thể đa đặc hiệu, hoặc đoạn kháng thể của chúng.

4. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó đoạn kháng thể này là đoạn Fab, đoạn Fab', hoặc đoạn F(ab')2.

5. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể của người.

6. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể đơn dòng.

7. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là thuộc typ IgG1, IgG2, IgG3 hoặc IgG4.

8. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 7, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là thuộc typ IgG1 hoặc IgG2.

9. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này được liên kết với nhóm đánh dấu.

10. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này ức chế sự gắn kết của GIP với phần ngoại bào của GIPR của người.

11. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể hoặc đoạn của nó, và trong đó kháng thể này hoặc đoạn của nó chứa vùng biến đổi chuỗi nhẹ chứa SEQ ID NO: 74 và vùng biến đổi chuỗi nặng chứa SEQ ID NO: 231.

12. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 3, trong đó protein gắn kết kháng nguyên này là kháng thể, và trong đó kháng thể này chứa chuỗi nhẹ chứa SEQ ID NO: 388 và chuỗi nặng chứa SEQ ID NO: 545.

13. Protein gắn kết kháng nguyên được phân lập theo điểm 1, trong đó kháng thể này chứa CDRL1, CDRL2, CDRL3, CDRH1, CDRH2, và CDRH3, trong đó CDRL1 chứa SEQ ID NO: 702; CDRL2 chứa SEQ ID NO: 859; CDRL3 chứa SEQ ID NO: 1016; CDRH1 chứa SEQ ID NO: 1173; CDRH2 chứa SEQ ID NO: 1330; và CDRH3 chứa SEQ ID NO: 1487.

14. Dược phẩm chứa ít nhất một kháng thể hoặc đoạn của nó theo điểm bất kỳ trong số các điểm 1, 11, 12, và 13, và tá dược dược dụng.

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> AMGEN INC.

<120>PROTEIN GẮN KẾT KHÁNG NGUYÊN ĐƯỢC PHÂN LẬP MÀ GẮN KẾT ĐẶC HIỆU VỚI POLYPEPTIT CỦA THỤ THỂ PEPTIT ỨC CHẾ DẠ DÀY CỦA NGƯỜI (GIPR) VÀ DƯỢC PHẨM CHỨA PROTEIN NÀY
<130> A-2029-WO-PCT

<140> 62/387,486
<141>23-12-2015

<140> 62/337,799
<141>17-05-2016

<140> 62/420,415
<141>10-11-2016

<150> XX/XXX,XXX
<151>21-12-2016

<160> 3225

<170> Patent phiên bản 3.5

<210> 1
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 1

Gln	Ser	Val	Leu	Thr	Gln	Pro	Pro	Ser	Ala	Ser	Gly	Thr	Pro	Gly	Gln
1				5				10						15	
Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Gly	Ser	Asn
			20					25					30		
Thr	Val	Asn	Trp	Tyr	Gln	His	Leu	Pro	Gly	Thr	Ala	Pro	Lys	Leu	Leu
		35					40					45			
Ile	Tyr	Thr	Asn	Asn	Gln	Arg	Pro	Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser
	50					55					60				
Gly	Ser	Lys	Ser	Gly	Thr	Ser	Ala	Ser	Leu	Ala	Ile	Ser	Gly	Leu	Gln
65				70					75						80
Ser	Glu	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr	Phe	Cys	Ala	Thr	Phe	Asp	Asp	Ser	Leu
				85					90					95	
Asn	Gly	Pro	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Gly	
			100					105					110		

<210> 2
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 2
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 3
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 4
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 4
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

```
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 5
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 5

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg
```

<210> 6
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 6

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

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

<210> 7
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 7
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 8
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 8
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

```
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg
```

<210> 9
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 9

```
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
            20                  25                  30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65                  70                  75                  80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
                85                  90                  95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 10
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 10

```
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 11
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 11
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
100 105

<210> 12
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 12
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 13
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 13
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 14
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 14
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 15
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 15
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

```
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
            100                 105
```

<210> 16
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 16

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
            100                 105
```

<210> 17
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 17

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

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

<210> 18
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 18

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
            100                 105
```

<210> 19
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 19

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
```

100 105

<210> 20
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 20
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg
100 105

<210> 21
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 21
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 22
<211> 108
<212> PRT

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 22
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 23
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 23
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 24
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 24
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 25
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 25
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 26
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 26
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

```
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 27
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 27
```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 28
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 28
```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
```

85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 29
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 29
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 30
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 30
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 31

<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 31
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 32
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 32
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 33
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 33
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 34
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 34
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 35
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 35
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr

```
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 36
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 36

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 37
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 37

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

65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 38
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 38
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 39
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 39
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 40
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 40
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 41
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 41
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 42
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 42
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 43
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 43
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 44
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 44
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 45
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 45
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105
<210> 46
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 46
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 47
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 47
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 48
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 48
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 49
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 49
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 50
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 50
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 51
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 51
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 52
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 52
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 53
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 53
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly

```
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 54
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 54

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 55
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 55

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

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

<210> 56
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 56

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 57
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 57

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 58
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 58
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 59
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 59
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 60
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 60
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 61
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 61
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 62
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 62

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 63
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 63

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 64
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 64

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

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

<210> 65
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 65
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 66
<211> 107
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 66
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 67
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 67
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 68
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 68
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 69
<211> 108

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 69
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 70
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 70
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 71
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 71
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 72
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 72
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 73
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 73
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30

```
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 74
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 74

```
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 75
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 75

```
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65                  70                  75                  80
```

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Phe Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 76
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 76
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Tyr Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 77
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 77
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 78
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 78
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 79
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 79
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 80
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 80
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 81
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 81
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 82
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 82
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 83
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 83
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 84
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 84
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

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

<210> 85
<211> 109
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 85
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 86
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 86
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110

Lys Arg

<210> 87
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 87
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 88
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 88
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 89
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 89
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 90
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 90
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 91
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 91
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 92
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 92
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 93
<211> 114

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 93
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 94
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 94
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 95
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 95
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 96
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 96
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 97
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 97
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 98
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 98
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 99
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 99
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 100
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 100
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 101
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 101

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 102
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 102
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 103
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 103
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 104
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 104
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 105
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 105
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30

Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 106
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 106
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 107
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 107
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
35 40 45

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

<210> 108
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 108
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 109
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 109
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

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

<210> 110
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 110
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 111
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 111
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 112
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 112
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 113
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 113
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

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

<210> 114
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 114
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 115
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 115
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110

Lys Arg

<210> 116
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 116
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 117
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 117
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 118
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 118
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 119
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 119
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 120
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 120
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 121
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 121
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 122
<211> 114

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 122
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 123
<211> 114
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 123
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg

<210> 124
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 124
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 125
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 125
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Gln Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 126
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 126

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
            100                 105                 110
```

<210> 127
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 127

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
                85                  90                  95
Gln Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
            100                 105                 110
```

<210> 128
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 128

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

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

<210> 129
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 129
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Asn Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 130
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 130
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95

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

<210> 131
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 131
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Gln Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 132
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 132
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 133
<211> 111

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 133
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Asn Ala Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 134
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 134
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Asn Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 135
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 135
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Asn Ala Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 136
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 136
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Asn Ala Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 137
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 137
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30

Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 138
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 138
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 139
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 139
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg
100 105

<210> 140
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 140
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 141
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 141
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Arg
100 105

<210> 142
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 142
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Glu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 143
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 143
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 144
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 144
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 145
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 145
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Arg
100 105
<210> 146
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 146
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30

```
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 147
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 147

```
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
            100                 105
```

<210> 148
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 148

```
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
```

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 149
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 149
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 150
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 150
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 151
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 151
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Glu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 152
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 152
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Phe Glu Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 153
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 153
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 154
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 154
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 155
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 155
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15

Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 156
<211> 111
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 156
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Phe Glu Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
100 105 110

<210> 157
<211> 108
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 157
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Leu
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 158
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 158
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 159
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 159
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 160
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 160
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 161
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 161
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 162
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 162
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 163
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 163
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 164
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 164
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 165
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 165
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 166
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 166
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 167
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 167
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 168
<211> 121

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 168
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 169
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 169
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 170
<211> 117
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 170
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gln Gly Ser Ile Ser Ser Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 171
<211> 117
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 171
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 172
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 172
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 173
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 173
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 174
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 174
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 175
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 175
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 176
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 176

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 177
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 177
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 178
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 178
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 179
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 179
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 180
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 180
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

```
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 181
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 181
```
Gln Vạl Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 182
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 182
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
```

```
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 183
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 183

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 184
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 184

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

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

<210> 185
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 185
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 186
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 186
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

```
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 187
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 187

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 188
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 188

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
```

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

<210> 189
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 189

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 190
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 190

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
```

115 120

<210> 191
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 191
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 192
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 192
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 193
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 193
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 194
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 194
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 195

<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 195
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 196
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 196
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 197
<211> 120
<212> PRT

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 197
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 198
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 198
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 199
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 199
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 200
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 200
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 201
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 201
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 202
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 202
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 203
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 203
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 204
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 204
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 205
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 205
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

```
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 206
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 206

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 207
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 207

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

```
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 208
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 208

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 209
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 209

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

```
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 210
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 210

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 211
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 211

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

```
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 212
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 212

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 213
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 213

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

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

<210> 214
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 214
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 215
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 215
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 216
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 216
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 217
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 217
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 218
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 218
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 219
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 219
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 220
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 220
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 221
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 221
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 222
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 222
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 223
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 223
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 224
<211> 120

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 224
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 225
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 225
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 226
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 226
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 227
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 227
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 228
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 228
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 229
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 229
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 230
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 230
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 231
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 231
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 232
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 232

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 233
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 233
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 234
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 234
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 235
<211> 120
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 235
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 236
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 236
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 237
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 237
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 238
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 238
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45

```
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 239
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 239

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1               5                   10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 240
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 240

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

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

<210> 241
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 241
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 242
<211> 126
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 242
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80

```
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125


<210> 243
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 243
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120


<210> 244
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 244
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 245
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 245
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 246
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 246
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 247
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 247
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 248
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 248
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 249
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 249
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 250
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 250
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 251
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 251
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 252
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 252
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 253
<211> 123

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 253
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 254
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 254
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 255
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 255
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 256
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 256
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 257
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 257
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 258
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 258
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 259
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 259
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 260
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 260
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 261
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 261

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 262
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 262

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 263
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 263

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 264
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 264
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 265
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 265
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30

```
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 266
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 266

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 267
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 267

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

```
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 268
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 268

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 269
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 269

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

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

<210> 270
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 270
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 271
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 271
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

```
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 272
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 272
```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 273
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 273
```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 274
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 274
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 275
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 275
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 276
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 276
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 277
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 277
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 278
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 278
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 279
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 279
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 280
<211> 123
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 280
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 281
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 281
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 282
<211> 128

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 282
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 283
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 283
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 284
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 284
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 285
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 285
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 286
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 286
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 287
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 287
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 288
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 288
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 289
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 289
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 290
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 290

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 291
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 291
```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 292
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 292
```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
```

```
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 293
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 293

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 294
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 294

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
```

```
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 295
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 295

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 296
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 296

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

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 297
<211> 128
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 297
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 298
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 298
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 299
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 299

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser
```

<210> 300
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 300

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 301
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 301

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 302
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 302

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
```

Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 303
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 303
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 304
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 304
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 305
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 305
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 306
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 306
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser

<210> 307
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 307
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser

<210> 308
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 308
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser

<210> 309
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 309
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser

<210> 310
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 310
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser

115 120 125
Ser

<210> 311
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 311
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser

<210> 312
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 312
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr

```
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser
```

<210> 313
<211> 129
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 313
```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser
```

<210> 314
<211> 121
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 314
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
```

```
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 315
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 315

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

<210> 316
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 316

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
```

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

<210> 317
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 317

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
```

```
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 318
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 318

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

<210> 319
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 319
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 320
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 320
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp

```
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 321
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 321

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

<210> 322
<211> 220
<212> PRT

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 322
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 323
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 323
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro

```
                85                  90                  95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
            100                 105                 110
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
        115                 120                 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
    130                 135                 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145                 150                 155                 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
                165                 170                 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
            180                 185                 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
        195                 200                 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215
```

<210> 324
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 324

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

<210> 325
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 325
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 326
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 326
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

```
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
                165                 170                 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
            180                 185                 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
        195                 200                 205
Asn Arg Gly Glu Cys
    210


<210> 327
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 327
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
```

195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 328
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 328
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 329
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 329
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu

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

<210> 330
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 330

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
```

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

<210> 331
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 331

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

<210> 332
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 332
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 333
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 333
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Val Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Val Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

```
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 334
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 334

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

<210> 335
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 335
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 336
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 336
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala

```
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 337
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 337

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

<210> 338

<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 338
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 339
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 339
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 340
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 340
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 341
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 341
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 342
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 342
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile

```
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 343
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 343

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

```
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 344
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 344

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

<210> 345
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 345

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
```

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

<210> 346
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 346

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
```

```
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 347
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 347

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

<210> 348
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 348
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 349
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 349
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr His Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

```
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 350
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 350

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

<210> 351
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 351
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 352
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 352
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95

```
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 353
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 353

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

<210> 354
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 354
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 355
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 355
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 356
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 356
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205

Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 357
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 357
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 358
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 358
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
20 25 30

```
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
                165                 170                 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
            180                 185                 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
        195                 200                 205
Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 359
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 359
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
                165                 170                 175
```

```
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
            180                 185                 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
        195                 200                 205
Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 360
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 360

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

<210> 361
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 361

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

<210> 362
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 362

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
```

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 363
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 363
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 364
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 364
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 365
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 365
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110

```
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 366
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 366

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

<210> 367
<211> 214

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 367
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 368
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 368
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

```
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 369
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 369

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

<210> 370
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 370
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 371
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 371
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

```
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
                165                 170                 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
            180                 185                 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
        195                 200                 205
Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 372
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 372

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

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 373
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 373
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 374
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 374
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

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

<210> 375
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 375
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
                85                  90                  95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
            100                 105                 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
        115                 120                 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
```

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

<210> 376
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 376

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

<210> 377
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 377
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 378
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 378
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125

```
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
    130                 135                 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145                 150                 155                 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
                165                 170                 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
            180                 185                 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
        195                 200                 205
Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 379
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 379

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

<210> 380
<211> 213
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 380
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro
100 105 110
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
130 135 140
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
145 150 155 160
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
165 170 175
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
180 185 190
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
195 200 205
Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 381
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 381
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95

```
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210


<210> 382
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 382
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
            20                  25                  30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
                85                  90                  95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 383
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 383
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 384
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 384
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Arg Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 385
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 385
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205

Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 386
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 386
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 387
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 387
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30

```
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 388
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 388
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Val Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
```

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 389
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 389
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Phe Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 390
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 390

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

<210> 391
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 391

```
Glu Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
```

```
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 392
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 392

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

<210> 393
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 393
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
115 120 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
130 135 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
165 170 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
180 185 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
195 200 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 394
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 394
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110

```
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
        115                 120                 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
    130                 135                 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145                 150                 155                 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
                165                 170                 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
            180                 185                 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
        195                 200                 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215
```

<210> 395
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 395

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

<210> 396
<211> 215

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 396
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
115 120 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
130 135 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
165 170 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
180 185 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
195 200 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 397
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 397
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80

```
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
                85                  90                  95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
            100                 105                 110
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
        115                 120                 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
    130                 135                 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145                 150                 155                 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
                165                 170                 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
            180                 185                 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
        195                 200                 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215
```

<210> 398
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 398

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

<210> 399
<211> 215
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 399
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser
20 25 30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Gln Glu
65 70 75 80
Pro Asp Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro
85 90 95
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala
100 105 110
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
115 120 125
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
130 135 140
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
165 170 175
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
180 185 190
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
195 200 205
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215

<210> 400
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 400
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45

```
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 401
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 401
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
```

```
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 402
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 402

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

<210> 403
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 403

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

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

<210> 404
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 404

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
```

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

<210> 405
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 405

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

<210> 406
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 406
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 407
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 407
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

```
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 408
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 408

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

<210> 409
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 409
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 410
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 410
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

```
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 411
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 411

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

<210> 412
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 412
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 413
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 413
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60

```
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 414
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 414

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

Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 415
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 415
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 416
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 416
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30

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

<210> 417
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 417

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
```

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

<210> 418
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 418

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

<210> 419
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 419

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

<210> 420
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 420

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
```

```
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 421
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 421
```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 422
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 422
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly His
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 423
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 423
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110

```
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 424
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 424
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Phe Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 425
<211> 220

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 425
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 426
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 426
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

```
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 427
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 427
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 428
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 428
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 429
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 429
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

```
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 430
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 430

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

Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 431
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 431
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 432
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 432
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

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

<210> 433
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 433

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1               5                   10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
        115                 120                 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
```

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

<210> 434
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 434

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

<210> 435
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 435
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
130 135 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145 150 155 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
165 170 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
180 185 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
195 200 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210 215 220

<210> 436
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 436
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser
20 25 30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Asn Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
115 120 125

```
Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
            180                 185                 190
Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
        195                 200                 205
Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210                 215                 220
```

<210> 437
<211> 220
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 437

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

<210> 438
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 438
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 439
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 439
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95

```
Gln Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
        115                 120                 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 440
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 440

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

<210> 441
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 441
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Gln Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 442
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 442
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Asn Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 443
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 443
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Asn Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 444
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 444
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Asn Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 445
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 445
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30

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

<210> 446
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 446

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1               5                   10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
        115                 120                 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
```

```
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215


<210> 447
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 447
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1               5                   10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Ala Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
        115                 120                 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215


<210> 448
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 448
```

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

<210> 449
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 449
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Tyr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Ala Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
        115                 120                 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
```

```
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 450
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 450

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

<210> 451
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 451
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 452
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 452
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Ile Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110

```
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 453
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 453

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

<210> 454
<211> 216

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 454
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Gly Pro Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 455
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 455
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

```
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Thr Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 456
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 456

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

<210> 457
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 457
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 458
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 458
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
35 40 45

```
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 459
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 459

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

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 460
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 460
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
85 90 95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
100 105 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
115 120 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
130 135 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145 150 155 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
165 170 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
180 185 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
195 200 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
210

<210> 461
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 461
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

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

<210> 462
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 462

```
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1               5                   10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
```

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

<210> 463
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 463

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

<210> 464
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 464
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 465
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 465
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Glu Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125

```
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 466
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 466

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

<210> 467
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 467
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 468
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 468
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
85 90 95

```
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
        115                 120                 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
    130                 135                 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145                 150                 155                 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
                165                 170                 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
            180                 185                 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
        195                 200                 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 469
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 469

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

<210> 470
<211> 216
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 470
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
20 25 30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65 70 75 80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Phe Glu Ser Ser Leu
85 90 95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln
100 105 110
Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu
115 120 125
Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr
130 135 140
Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys
145 150 155 160
Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr
165 170 175
Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His
180 185 190
Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys
195 200 205
Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
210 215

<210> 471
<211> 214
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 471
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

```
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Leu
                85                  90                  95
Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
            100                 105                 110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
    130                 135                 140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
145                 150                 155                 160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
                165                 170                 175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
            180                 185                 190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
        195                 200                 205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
    210
```

<210> 472
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 472

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

```
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 473
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 473

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
```

```
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 474
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 474
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
```

```
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 475
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 475
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380

```
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 476
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 476

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
```

```
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 477
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 477

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

```
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 478
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 478

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
```

```
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 479
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 479

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 480
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 480
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
115 120 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
130 135 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145 150 155 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
165 170 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
180 185 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
195 200 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
210 215 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225 230 235 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
245 250 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
260 265 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
275 280 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
290 295 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305 310 315 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
325 330 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
340 345 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
355 360 365

```
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455


<210> 481
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 481
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
```

```
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 482
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 482

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

```
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 483
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 483

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 484
<211> 447
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 484

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gln Gly Ser Ile Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65                  70                  75                  80
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
                85                  90                  95
Arg Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
            100                 105                 110
Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu
        115                 120                 125
Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys
    130                 135                 140
Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser
145                 150                 155                 160
Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser
                165                 170                 175
Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser
            180                 185                 190
Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn
        195                 200                 205
Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His
    210                 215                 220
Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val
225                 230                 235                 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
                245                 250                 255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu
            260                 265                 270
Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
        275                 280                 285
Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser
    290                 295                 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305                 310                 315                 320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile
                325                 330                 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
            340                 345                 350
Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu
        355                 360                 365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
    370                 375                 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385                 390                 395                 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
                405                 410                 415
Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
            420                 425                 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
        435                 440                 445
```

<210> 485
<211> 447
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 485
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Met Ser Ile Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu
115 120 125
Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys
130 135 140
Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser
145 150 155 160
Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser
165 170 175
Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser
180 185 190
Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn
195 200 205
Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His
210 215 220
Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val
225 230 235 240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
245 250 255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu
260 265 270
Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
275 280 285
Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser
290 295 300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
305 310 315 320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile
325 330 335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
340 345 350
Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu
355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
370 375 380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
385 390 395 400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
405 410 415
Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
420 425 430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
435 440 445

<210> 486
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 486
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285

```
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 487
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 487

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

```
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450


<210> 488
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp


<400> 488
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

```
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 489
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 489

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 490
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 490
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly Lys
450

<210> 491
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 491
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270

```
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 492
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 492

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

```
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 493
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 493

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 494
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 494
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445

Pro Gly Lys
450

<210> 495
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 495
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Val Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350

```
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 496
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 496

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

```
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 497
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 497
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
```

```
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 498
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 498

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

```
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 499
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 499

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
```

```
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 500
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 500

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
```

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly Lys
450

<210> 501
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 501
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255

```
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 502
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 502

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
```

```
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 503
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 503

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

```
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 504
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 504

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
```

```
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 505
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 505

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
```

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly Lys
450

<210> 506
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 506
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240

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

<210> 507
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 507

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
```

```
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 508
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 508

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

```
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 509
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 509
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415

```
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 510
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 510

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
```

```
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 511
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 511

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

```
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 512
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 512
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
```

```
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 513
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 513

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
```

```
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 514
<211> 450

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 514
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400

```
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 515
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 515

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
```

Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 516
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 516
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ser Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

```
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 517
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 517

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
```

```
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 518
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 518
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
```

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 519
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 519
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 520
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 520
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285

```
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 521
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 521

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

```
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 522
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 522

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

```
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 523
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 523

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 524
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 524
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365

```
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 525
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 525

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
```

```
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 526
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 526

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

```
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 527
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 527

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 528
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 528

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
```

Gly Lys
450

<210> 529
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 529
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 530
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 530
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255

```
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 531
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 531
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
```

```
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 532
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 532

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

```
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 533
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 533

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
```

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 534
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 534
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 535
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 535
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240

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

<210> 536
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 536

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
```

```
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 537
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 537

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

```
Ala Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr Leu Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 538
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 538
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 539
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 539
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65 70 75 80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320

```
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 540
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 540
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65                  70                  75                  80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
```

```
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 541
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 541

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Phe
65                  70                  75                  80
Leu Gln Val Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
```

```
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 542
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 542

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

```
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 543
<211> 450

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 543

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
```

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

<210> 544
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 544
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300

Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 545
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 545
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

```
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 546
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 546

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
```

```
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 547
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 547

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

```
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225                 230                 235                 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
                245                 250                 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
            260                 265                 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 548
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 548
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
290 295 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305 310 315 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
325 330 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
340 345 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385 390 395 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
420 425 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
435 440 445
Gly Lys
450

<210> 549
<211> 450
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 549
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr Trp Gly Gln
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
225 230 235 240
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
245 250 255
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285

```
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg
    290                 295                 300
Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
                325                 330                 335
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
            340                 345                 350
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
        355                 360                 365
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
    370                 375                 380
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
385                 390                 395                 400
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
                405                 410                 415
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
            420                 425                 430
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
        435                 440                 445
Gly Lys
    450
```

<210> 550
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 550

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

```
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
        195                 200                 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
    210                 215                 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225                 230                 235                 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
                245                 250                 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
            260                 265                 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
    290                 295                 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305                 310                 315                 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
                325                 330                 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
            340                 345                 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
        355                 360                 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 551
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 551

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1               5                   10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
```

```
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
        115                 120                 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
    130                 135                 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145                 150                 155                 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
                165                 170                 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
            180                 185                 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
        195                 200                 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
    210                 215                 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225                 230                 235                 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
                245                 250                 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
            260                 265                 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
    290                 295                 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305                 310                 315                 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
                325                 330                 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
            340                 345                 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
        355                 360                 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 552
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 552

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
        115                 120                 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
    130                 135                 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145                 150                 155                 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
                165                 170                 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
            180                 185                 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
        195                 200                 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
    210                 215                 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225                 230                 235                 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
                245                 250                 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
            260                 265                 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
    290                 295                 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305                 310                 315                 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
                325                 330                 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
            340                 345                 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
        355                 360                 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 553
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 553
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
115 120 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
130 135 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145 150 155 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
165 170 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
180 185 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
195 200 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
210 215 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225 230 235 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
245 250 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
260 265 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
275 280 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
290 295 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305 310 315 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
325 330 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
340 345 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
355 360 365

```
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 554
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 554

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1               5                   10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
        115                 120                 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
    130                 135                 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145                 150                 155                 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
                165                 170                 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
            180                 185                 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
        195                 200                 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
    210                 215                 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225                 230                 235                 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
                245                 250                 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
            260                 265                 270
```

Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
275 280 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
290 295 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305 310 315 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
325 330 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
340 345 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
355 360 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385 390 395 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
405 410 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
420 425 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
435 440 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 555
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 555
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
100 105 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
115 120 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
130 135 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145 150 155 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
165 170 175

His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
180 185 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
195 200 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
210 215 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225 230 235 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
245 250 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
260 265 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
275 280 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
290 295 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305 310 315 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
325 330 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
340 345 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
355 360 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385 390 395 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
405 410 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
420 425 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
435 440 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 556
<211> 456
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 556
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80

```
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
        115                 120                 125
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
    130                 135                 140
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
145                 150                 155                 160
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
                165                 170                 175
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
            180                 185                 190
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
        195                 200                 205
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
    210                 215                 220
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
225                 230                 235                 240
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
                245                 250                 255
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
            260                 265                 270
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln
    290                 295                 300
Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
305                 310                 315                 320
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
                325                 330                 335
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
            340                 345                 350
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
        355                 360                 365
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
385                 390                 395                 400
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
                405                 410                 415
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
            420                 425                 430
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
        435                 440                 445
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 557
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 557
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 558
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 558
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350

```
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 559
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 559
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
```

```
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 560
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 560

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
```

```
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 561
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 561

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

```
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 562
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 562

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
```

```
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 563
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 563

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
```

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 564
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 564
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240

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

<210> 565
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 565

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
```

```
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 566
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 566

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

```
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 567
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 567
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415

```
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 568
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 568

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
```

```
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 569
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 569

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

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 570
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 570
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125

```
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 571
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 571

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
```

```
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 572
<211> 453

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 572

Gln	Val	Pro	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5				10						15	
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Gly	Tyr
			20					25					30		
Tyr	Ile	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Val	Trp	Met
		35					40					45			
Gly	Trp	Ile	Ser	Pro	Asn	Ser	Gly	Asp	Thr	Ser	Tyr	Ala	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Gln	Asp	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ile	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70					75					80
Met	Glu	Leu	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys
				85					90					95	
Thr	Arg	Glu	Ala	Thr	Ile	Phe	Gly	Met	Leu	Ile	Val	Pro	Phe	Asp	Tyr
			100					105					110		
Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly
		115					120					125			
Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly
	130					135					140				
Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val
145					150					155					160
Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe
				165					170					175	
Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val
			180					185					190		
Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val
		195					200					205			
Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys
	210					215					220				
Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu
225					230					235					240
Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr
				245					250					255	
Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val
			260					265					270		
Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val
		275					280					285			
Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Cys	Glu	Glu	Gln	Tyr	Gly	Ser
	290					295					300				
Thr	Tyr	Arg	Cys	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu
305					310					315					320
Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala
				325					330					335	
Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro
			340					345					350		
Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Asn	Gln
		355					360					365			
Val	Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala
	370					375					380				
Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr
385					390					395					400

```
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 573
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 573

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
```

Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 574
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 574
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Val Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 575
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 575
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110

```
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 576
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 576

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

```
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 577
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 577
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380

```
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 578
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 578

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Phe Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
```

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 579
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 579
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190

```
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 580
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 580

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

```
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 581
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 581

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 582
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 582
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365

```
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 583
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 583

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
```

```
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 584
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 584

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

```
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 585
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 585

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 586
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 586
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 587
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 587
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Thr Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
245 250 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
260 265 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
275 280 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
290 295 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305 310 315 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
325 330 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350

```
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 588
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 588

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

```
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 589
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 589

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
```

```
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 590
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 590

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

```
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 591
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 591

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
```

```
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 592
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 592

```
Gln Val Pro Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
```

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
340 345 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
355 360 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
370 375 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385 390 395 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
405 410 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
420 425 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
435 440 445
Leu Ser Pro Gly Lys
450

<210> 593
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 593
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
100 105 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
115 120 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
130 135 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
165 170 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
180 185 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
195 200 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
210 215 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225 230 235 240

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

<210> 594
<211> 453
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 594

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Asp Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
```

```
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
225                 230                 235                 240
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
                245                 250                 255
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
            260                 265                 270
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
        275                 280                 285
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser
    290                 295                 300
Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
305                 310                 315                 320
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
                325                 330                 335
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
            340                 345                 350
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
        355                 360                 365
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
    370                 375                 380
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
385                 390                 395                 400
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
                405                 410                 415
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
            420                 425                 430
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Leu Ser Pro Gly Lys
    450
```

<210> 595
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 595

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

```
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 596
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 596
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225 230 235 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
245 250 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
260 265 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
275 280 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
290 295 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305 310 315 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
325 330 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
340 345 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
355 360 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
370 375 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385 390 395 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
405 410 415

```
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 597
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 597

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
```

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
325 330 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
340 345 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
355 360 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
370 375 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385 390 395 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
405 410 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
420 425 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
435 440 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 598
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 598
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220

```
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 599
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 599

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

```
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 600
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 600

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
```

```
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 601
<211> 458

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 601

Gln	Met	Gln	Val	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5					10						15
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Gly	Tyr
			20					25						30	
Tyr	Met	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Met
		35					40					45			
Gly	Trp	Ile	Asn	Pro	Asn	Ser	Gly	Gly	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Gln	Gly	Arg	Val	Thr	Met	Thr	Arg	Asp	Thr	Ser	Ile	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70					75					80
Met	Glu	Leu	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	
Ala	Arg	Gly	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Gly	Thr	Tyr	Arg	Pro	His	Tyr	Tyr
			100					105					110		
Tyr	Gly	Met	Asp	Val	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser
		115					120					125			
Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys
	130					135					140				
Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr
145					150					155					160
Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser
				165					170					175	
Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser
			180					185					190		
Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr
		195					200					205			
Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys
	210					215					220				
Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys
225					230					235					240
Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro
				245					250					255	
Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys
			260					265					270		
Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp
		275					280					285			
Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Cys	Glu
	290					295					300				
Glu	Gln	Tyr	Gly	Ser	Thr	Tyr	Arg	Cys	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu
305					310					315					320
His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn
				325					330					335	
Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly
			340					345					350		
Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Glu	Glu
		355					360					365			
Met	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Thr	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr
	370					375					380				
Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn
385					390					395					400

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

<210> 602
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 602

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
```

Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305 310 315 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
325 330 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
340 345 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
355 360 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
370 375 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385 390 395 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
405 410 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
420 425 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
435 440 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 603
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 603
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205

```
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 604
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 604

```
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
```

```
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 605
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 605

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

```
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 606
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 606
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225 230 235 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
245 250 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
260 265 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
275 280 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
290 295 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305 310 315 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
325 330 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
340 345 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
355 360 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
370 375 380

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385 390 395 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
405 410 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
420 425 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
435 440 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 607
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 607
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225 230 235 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
245 250 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
260 265 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
275 280 285

```
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 608
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

```
<400> 608
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
    130                 135                 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145                 150                 155                 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
            180                 185                 190
```

```
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
        195                 200                 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
    210                 215                 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225                 230                 235                 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
                245                 250                 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
            260                 265                 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
        275                 280                 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
    290                 295                 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
                325                 330                 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
            340                 345                 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
        355                 360                 365
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 609
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 609

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

```
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 610
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 610

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Tyr Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 611
<211> 458
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 611
Gln Met Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys
130 135 140
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
145 150 155 160
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
165 170 175
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
180 185 190
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr
195 200 205
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys
225 230 235 240
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
245 250 255
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
260 265 270
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
275 280 285
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu
290 295 300
Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu
305 310 315 320
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
325 330 335
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
340 345 350
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu
355 360 365

```
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
    370                 375                 380
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
                405                 410                 415
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
            420                 425                 430
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
        435                 440                 445
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 612
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 612

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
```

```
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 613
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 613

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
```

```
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 614
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 614

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
```

```
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 615
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 615
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445

Pro Gly Lys
450

<210> 616
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 616
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
260 265 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
275 280 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
290 295 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305 310 315 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
325 330 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
355 360 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
370 375 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385 390 395 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
405 410 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
420 425 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
435 440 445
Pro Gly Lys
450

<210> 617
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 617
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225 230 235 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
245 250 255

```
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 618
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 618

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1               5                   10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
```

```
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 619
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 619

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

```
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Lys Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
        115                 120                 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 620
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 620

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
```

```
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 621
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 621

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
```

```
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 622
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 622

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

```
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 623
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 623

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
```

```
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 624
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 624

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

```
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 625
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 625
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
100 105 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
115 120 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
130 135 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145 150 155 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
165 170 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
180 185 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
195 200 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
210 215 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225 230 235 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
245 250 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
260 265 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
275 280 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
290 295 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305 310 315 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
325 330 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
340 345 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
355 360 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
370 375 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385 390 395 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
405 410 415

```
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 626
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 626

```
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                   10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Ile Asn Trp Val Arg Gln Ala Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Gln Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
        115                 120                 125
Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
145                 150                 155                 160
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
                165                 170                 175
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
            180                 185                 190
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
        195                 200                 205
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
    210                 215                 220
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225                 230                 235                 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
                245                 250                 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
            260                 265                 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
        275                 280                 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
    290                 295                 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305                 310                 315                 320
```

```
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
                325                 330                 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
            340                 345                 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
        355                 360                 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
    370                 375                 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385                 390                 395                 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
                405                 410                 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
            420                 425                 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
        435                 440                 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
    450                 455
```

<210> 627
<211> 459
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 627

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

Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
225 230 235 240
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
245 250 255
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
260 265 270
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
275 280 285
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys
290 295 300
Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val
305 310 315 320
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
325 330 335
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
340 345 350
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu
355 360 365
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
370 375 380
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
385 390 395 400
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
405 410 415
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
420 425 430
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
435 440 445
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 628
<211> 451
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 628
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

```
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
    130                 135                 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145                 150                 155                 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
                165                 170                 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
            180                 185                 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
        195                 200                 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
    210                 215                 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
225                 230                 235                 240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
                245                 250                 255
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
            260                 265                 270
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
        275                 280                 285
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Cys Glu Glu Gln Tyr Gly Ser Thr Tyr
    290                 295                 300
Arg Cys Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
            340                 345                 350
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser
        355                 360                 365
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
    370                 375                 380
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
385                 390                 395                 400
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
                405                 410                 415
Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
            420                 425                 430
His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
        435                 440                 445
Pro Gly Lys
    450
```

<210> 629
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 629
```
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1               5                   10
```

<210> 630
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 630
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 631
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 631
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 632
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 632
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 633
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 633
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 634
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 634
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 635
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 635
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 636
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 636
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 637
<211> 12

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 637
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 638
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 638
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 639
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 639
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 640
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 640
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 641
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 641
Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp Leu Ala
1 5 10

<210> 642
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 642
Arg Ala Ser Gln Gly Leu Ile Ile Trp Leu Ala
1 5 10

<210> 643
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 643
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 644
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 644
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 645
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 645
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 646
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 646
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 647
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 647
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 648
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 648
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Asn Glu Leu Gly
1 5 10

<210> 649
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 649
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 650
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 650
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 651
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 651
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 652
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 652
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 653
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 653

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 654
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 654
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 655
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 655
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 656
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 656
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 657
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 657
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 658
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 658
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 659
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 659
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 660
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 660
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 661
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 661
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 662
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 662
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 663
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 663
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 664
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 664
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 665
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 665
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 666
<211> 11

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 666
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 667
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 667
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 668
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 668
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 669
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 669
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 670
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 670
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 671
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 671
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 672
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 672
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 673
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 673
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 674
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 674
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 675
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 675
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 676
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 676
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 677
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 677
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 678
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 678
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 679
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 679
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 680
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 680
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 681
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 681
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 682
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 682

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 683
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 683
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 684
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 684
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 685
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 685
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 686
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 686
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 687
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 687
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 688
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 688
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 689
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 689
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 690
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 690
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 691
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 691
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 692
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 692
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 693
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 693
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 694
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 694
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Thr Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 695
<211> 12

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 695
Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 696
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 696
Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 697
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 697
Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 698
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 698
Arg Ala Ser Gln Ile Phe Thr Ser Thr Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 699
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 699
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 700
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 700
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 701
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 701
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 702
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 702
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 703
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 703
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 704
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 704
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 705
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 705
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 706
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 706
Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 707
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 707
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 708
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 708
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 709
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 709
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 710
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 710
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 711
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 711

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 712
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 712
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 713
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 713
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 714
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 714
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 715
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 715
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 716
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 716
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 717
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 717
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 718
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 718
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 719
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 719
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 720
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 720
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 721
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 721
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 722
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 722
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 723
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 723
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 724
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 724
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 725
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 725
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 726
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 726
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 727
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 727
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 728
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 728
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 729
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 729
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 730
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 730
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 731
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 731

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 732
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 732
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 733
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 733
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 734
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 734
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 735
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 735
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 736
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 736
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 737
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 737
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 738
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 738
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Ile
1 5 10 15

Ala

<210> 739
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 739
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 740
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 740
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 741
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 741
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 742
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 742
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 743
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 743
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 744
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 744
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 745
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 745
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 746
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 746
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 747
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 747
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 748
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 748
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 749
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 749
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 750
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 750
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 751
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 751
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 752
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 752
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln Thr Val Asn
1 5 10

<210> 753
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 753
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln Thr Val Asn
1 5 10

<210> 754
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 754

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Asn
1 5 10

<210> 755
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 755
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Asn
1 5 10

<210> 756
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 756
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln Thr Val Asn
1 5 10

<210> 757
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 757
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Asn
1 5 10

<210> 758
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 758
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 759
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 759
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 760
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 760
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 761
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 761
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 762
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 762
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 763
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 763
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Asn
1 5 10

<210> 764
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 764
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Asn
1 5 10

<210> 765
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 765
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Gln Thr Val Asn
1 5 10

<210> 766
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 766
Arg Ala Ser Gln Asp Leu Arg Asn Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 767
<211> 11

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 767
Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Asp Tyr Leu Gly
1 5 10

<210> 768
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 768
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 769
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 769
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 770
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 770
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 771
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 771
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 772
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 772
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 773
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 773
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 774
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 774
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 775
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 775
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 776
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 776
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 777
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 777
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 778
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 778
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 779
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 779
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 780
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 780
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 781
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 781
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 782
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 782
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 783
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 783

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 784
<211> 13
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 784
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 785
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 785
Arg Ala Ser Gln Thr Ile Ser Arg Phe Leu Asn
1 5 10

<210> 786
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 786
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 787
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 787
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 788
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 788
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 789
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 789
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 790
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 790
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 791
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 791
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 792
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 792
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 793
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 793
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 794
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 794
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 795
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 795
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 796
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 796
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 797
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 797
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 798
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 798
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 799
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 799
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 800
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 800
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 801
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 801
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 802
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 802
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 803
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 803
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 804
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 804
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 805
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 805
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 806
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 806
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 807
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 807
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 808
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 808
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 809
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 809
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 810
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 810
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 811
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 811
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 812
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 812

Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 813
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 813
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 814
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 814
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 815
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 815
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 816
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 816
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 817
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 817
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 818
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 818
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 819
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 819
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 820
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 820
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 821
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 821
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 822
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 822
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 823
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 823
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 824
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 824
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 825
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 825
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 826
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 826
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 827
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 827
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 828
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 828
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 829
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 829
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 830
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 830
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 831
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 831
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 832
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 832
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 833
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 833
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Thr
1 5

<210> 834
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 834
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 835
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 835
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 836
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 836
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 837
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 837
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 838
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 838
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 839
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 839
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 840
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 840
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 841
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 841

Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 842
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 842
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 843
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 843
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 844
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 844
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 845
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 845
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 846
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 846
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 847
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 847
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 848
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 848
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 849
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 849
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 850
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 850
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 851
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 851
Asp Ala Ser Asn Leu Glu Pro
1 5

<210> 852
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 852
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 853
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 853
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 854
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 854
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 855
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 855
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 856
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 856
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 857
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 857
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 858
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 858
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 859
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 859
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 860
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 860
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 861
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 861
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 862
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 862
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 863
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 863
Gly Ala Ala Thr Arg Ala Thr
1 5

<210> 864
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 864
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 865
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 865
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 866
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 866
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 867
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 867
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 868
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 868
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 869
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 869
Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 870
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 870

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr
1 5

<210> 871
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 871
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 872
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 872
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 873
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 873
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 874
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 874
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 875
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 875
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 876
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 876
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 877
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 877
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 878
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 878
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 879
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 879
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 880
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 880
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 881
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 881
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 882
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 882
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 883
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 883
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 884
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 884
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 885
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 885
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 886
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 886
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 887
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 887
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 888
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 888
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 889
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 889
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 890
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 890
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 891
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 891
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 892
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 892
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 893
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 893
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 894
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 894
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 895
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 895
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 896
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 896
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 897
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 897
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 898
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 898
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 899
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 899

Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 900
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 900
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 901
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 901
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 902
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 902
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 903
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 903
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 904
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 904
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 905
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 905
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 906
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 906
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 907
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 907
Trp Thr Ser Thr Arg Asp Ser
1 5

<210> 908
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 908
Trp Thr Ser Thr Arg Glu Ser
1 5

<210> 909
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 909
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 910
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 910
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 911
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 911
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 912
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 912
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 913
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 913
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 914
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 914
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 915
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 915
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 916
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 916
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 917
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 917
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 918
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 918
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 919
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 919
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 920
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 920
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 921
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 921
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 922
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 922
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 923
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 923
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 924
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 924
Gly Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 925
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 925
Thr Asn Asn Gln Arg Pro Ser
1 5

<210> 926
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 926
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 927
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 927
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 928
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 928

Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 929
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 929
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 930
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 930
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 931
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 931
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 932
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 932
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 933
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 933
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 934
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 934
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 935
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 935
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 936
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 936
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 937
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 937
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 938
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 938
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 939
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 939
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 940
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 940
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 941
<211> 7

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 941
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 942
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 942
Val Ala Ser Ser Leu Gln Ser
1 5

<210> 943
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 943
Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu Asn Gly Pro Val
1 5 10

<210> 944
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 944
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 945
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 945
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 946
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 946
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 947
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 947
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 948
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 948
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 949
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 949
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 950
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 950
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 951
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 951
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 952
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 952
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 953
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 953
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 954
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 954
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 955
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 955
Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro Thr
1 5

<210> 956
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 956
Gln Gln Thr Asn Ser Phe Pro Pro Thr
1 5

<210> 957
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 957

Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 958
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 958
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 959
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 959
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 960
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 960
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 961
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 961
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 962
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 962
Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 963
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 963
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 964
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 964
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 965
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 965
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 966
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 966
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 967
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 967
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 968
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 968
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 969
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 969
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 970
<211> 9

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 970
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 971
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 971
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 972
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 972
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 973
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 973
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 974
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 974
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 975
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 975
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 976
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 976
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 977
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 977
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 978
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 978
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 979
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 979
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 980
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 980
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 981
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 981
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 982
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 982
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 983
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 983
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 984
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 984
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 985
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 985
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 986
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 986

Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 987
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 987
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 988
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 988
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 989
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 989
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 990
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 990
Gln Gln Tyr Asp Ile Leu Leu Thr
1 5

<210> 991
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 991
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 992
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 992
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 993
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 993
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 994
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 994
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 995
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 995
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 996
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 996
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 997
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 997
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 998
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 998
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 999
<211> 8

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 999
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1000
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1000
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1001
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1001
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1002
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1002
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1003
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1003
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1004
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1004
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1005
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1005
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1006
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1006
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1007
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1007
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1008
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1008
Gln Gln Tyr Asp Asp Leu Phe Thr
1 5

<210> 1009
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1009
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg
1 5

<210> 1010
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1010
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg
1 5

<210> 1011
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1011
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg
1 5

<210> 1012
<211> 8
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1012
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Arg
1 5

<210> 1013
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1013
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1014
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1014
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1015
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1015

Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1016
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1016
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1017
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1017
Gln Gln Tyr Asn Asn Phe Pro Leu Thr
1 5

<210> 1018
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1018
Gln Gln Tyr Asn Asn Tyr Pro Leu Thr
1 5

<210> 1019
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1019
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1020
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1020
Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Leu Thr
1 5

<210> 1021
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1021
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1022
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1022
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1023
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1023
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1024
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1024
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1025
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1025
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1026
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1026
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1027
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1027
Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 1028
<211> 9

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1028
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1029
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1029
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1030
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1030
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1031
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1031
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1032
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1032
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1033
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1033
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1034
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1034
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1035
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1035
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1036
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1036
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1037
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1037
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1038
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1038
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1039
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1039
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1040
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1040
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1041
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1041
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1042
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1042
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1043
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1043
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1044
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1044

Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1045
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1045
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1046
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1046
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1047
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1047
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1048
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1048
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1049
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1049
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1050
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1050
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1051
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1051
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1052
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1052
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1053
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1053
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1054
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1054
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1055
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1055
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1056
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1056
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1057
<211> 9

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1057
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1058
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1058
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1059
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1059
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1060
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1060
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1061
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1061
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1062
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1062
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1063
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1063
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1064
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1064
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1065
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1065
Gln Gln Tyr Tyr Arg Thr Pro Trp Thr
1 5

<210> 1066
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1066
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Ser Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1067
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1067
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Gln Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1068
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1068
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Ser Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1069
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1069
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Gln Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1070
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1070
Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu Asn Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1071
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1071
Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu Asn Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1072
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1072
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Asn Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1073
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1073

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

<210> 1074
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1074
Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu Ser Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1075
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1075
Ala Thr Phe Asp Asp Ser Leu Asn Ala Pro Val
1 5 10

<210> 1076
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1076
Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu Asn Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1077
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1077
Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu Asn Ala Pro Val
1 5 10

<210> 1078
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1078
Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu Asn Ala Pro Val
1 5 10

<210> 1079
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1079
Ala Thr Phe Asp Glu Ser Leu Ser Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1080
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1080
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 1081
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1081
Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Phe Thr
1 5

<210> 1082
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1082
Ala Thr Phe Asp Ser Ser Leu Ser Gly Pro Val
1 5 10

<210> 1083
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1083
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1084
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1084
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1085
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1085
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1086
<211> 9

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1086
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1087
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1087
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1088
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1088
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1089
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1089
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1090
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1090
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Ile Ser
1 5

<210> 1091
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1091
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1092
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1092
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1093
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1093
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1094
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1094
Gly Thr Phe Glu Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1095
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1095
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1096
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1096
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1097
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1097
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1098
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1098
Gly Thr Phe Glu Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 1099
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1099
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Leu Leu Ser
1 5

<210> 1100
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1100
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1101
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1101
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1102
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1102

Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1103
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1103
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1104
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1104
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1105
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1105
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1106
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1106
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1107
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1107
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1108
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1108
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1109
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1109
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1110
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1110
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1111
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1111
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1112
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1112
Ser Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1113
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1113
Ser Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1114
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1114
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1115
<211> 5

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1115
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1116
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1116
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1117
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1117
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1118
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1118
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1119
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1119
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1120
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1120
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1121
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1121
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1122
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1122
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1123
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1123
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1124
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1124
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1125
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1125
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1126
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1126
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1127
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1127
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1128
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1128
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1129
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1129
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1130
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1130
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1131
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1131

Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1132
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1132
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1133
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1133
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1134
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1134
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1135
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1135
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1136
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1136
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1137
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1137
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1138
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1138
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1139
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1139
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1140
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1140
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1141
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1141
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1142
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1142
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1143
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1143
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1144
<211> 5

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1144
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1145
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1145
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1146
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1146
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1147
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1147
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1148
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1148
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1149
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1149
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1150
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1150
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1151
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1151
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1152
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1152
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1153
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1153
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1154
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1154
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1155
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1155
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1156
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1156
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1157
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1157
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1158
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1158
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1159
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1159
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1160
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1160

Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1161
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1161
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1162
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1162
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1163
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1163
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1164
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1164
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1165
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1165
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1166
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1166
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1167
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1167
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1168
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1168
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1169
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1169
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1170
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1170
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1171
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1171
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1172
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1172
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1173
<211> 5

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1173
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1174
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1174
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1175
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1175
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1176
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1176
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1177
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1177
Asn Tyr Gly Met His
1 5

<210> 1178
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1178
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1179
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1179
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1180
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1180
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1181
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1181
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1182
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1182
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1183
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1183
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1184
<211> 7
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1184
Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5

<210> 1185
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1185
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1186
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1186
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1187
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1187
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1188
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1188
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1189
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1189

Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1190
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1190
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1191
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1191
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1192
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1192
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1193
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1193
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1194
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1194
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1195
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1195
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1196
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1196
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1197
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1197
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1198
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1198
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1199
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1199
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1200
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1200
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1201
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1201
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1202
<211> 5

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1202
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1203
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1203
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1204
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1204
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1205
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1205
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1206
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1206
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1207
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1207
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1208
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1208
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1209
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1209
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1210
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1210
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1211
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1211
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1212
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1212
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1213
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1213
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1214
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1214
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1215
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1215
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1216
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1216
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1217
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1217
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1218
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1218

Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1219
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1219
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1220
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1220
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1221
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1221
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1222
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1222
Gly Tyr Tyr Ile His
1 5

<210> 1223
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1223
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1224
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1224
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1225
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1225
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1226
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1226
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1227
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1227
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1228
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1228
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1229
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1229
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1230
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1230
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1231
<211> 5

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1231
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1232
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1232
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1233
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1233
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1234
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1234
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1235
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1235
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1236
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1236
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1237
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1237
Asn Phe Gly Met His
1 5

<210> 1238
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1238
Tyr Phe Gly Met His
1 5

<210> 1239
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1239
Gly Tyr Tyr Met His
1 5

<210> 1240
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1240
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1241
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1241
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1242
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1242
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1243
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1243
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1244
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1244
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1245
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1245
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1246
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1246
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1247
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1247

Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1248
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1248
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1249
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1249
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1250
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1250
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1251
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1251
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1252
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1252
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1253
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1253
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1254
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1254
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1255
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1255
Ser Tyr Asp Ile Asn
1 5

<210> 1256
<211> 5
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1256
Ser Tyr Gly Ile His
1 5

<210> 1257
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1257
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1258
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1258
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1259
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1259
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1260
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1260
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1261
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1261
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1262
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1262
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1263
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1263
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1264
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1264
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1265
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1265
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1266
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1266
Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1267
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1267
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1268
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1268
Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1269
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1269
Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1270
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1270
Arg Ile Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1271
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1271
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1272
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1272
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1273
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1273
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1274
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1274
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1275
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1275
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1276
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1276
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1277
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1277
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1278
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1278
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1279
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1279
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1280
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1280
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1281
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1281
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1282
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1282
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1283
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1283
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1284
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1284
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1285
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1285
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1286
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1286
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1287
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1287
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1288
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1288
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1289
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1289
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1290
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1290
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1291
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1291
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1292
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1292
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1293
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1293
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1294
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1294
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1295
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1295

Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1296
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1296
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1297
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1297
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1298
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1298
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1299
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1299
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1300
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1300
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1301
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1301
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1302
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1302
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1303
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1303
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1304
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1304
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1305
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1305
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1306
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1306
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1307
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1307
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1308
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1308
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1309
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1309
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1310
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1310
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1311
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1311
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1312
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1312
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1313
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1313
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1314
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1314
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1315
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1315
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1316
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1316
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1317
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1317
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1318
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1318
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1319
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1319
Ala Ile Trp Tyr Asp Gly Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1320
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1320
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1321
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1321
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1322
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1322
Ala Ile Trp Tyr Asp Ala Asn Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1323
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1323
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1324
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1324

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1325
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1325
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1326
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1326
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1327
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1327
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1328
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1328
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1329
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1329
Ala Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1330
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1330
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1331
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1331
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1332
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1332
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1333
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1333
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1334
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1334
Ala Ile Trp Phe Asp Ala Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1335
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1335
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1336
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1336
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1337
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1337
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1338
<211> 16

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1338
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1339
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1339
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1340
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1340
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1341
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1341
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 1342
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1342
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1343
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1343
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1344
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1344
Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1345
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1345
Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1346
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1346
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1347
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1347
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1348
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1348
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1349
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1349
Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1350
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1350
Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1351
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1351
Trp Ile Asn Pro Asp Ala Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1352
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1352
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1353
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1353
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1354
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1354
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1355
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1355
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1356
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1356
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1357
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1357
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1358
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1358
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1359
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1359
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1360
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1360
Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1361
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1361

Trp Ile Ser Pro Asn Ser Gly Glu Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1362
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1362
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1363
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1363
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1364
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1364
Trp Ile Asn Pro Asp Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1365
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1365
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1366
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1366
Trp Ile Asn Pro Glu Ser Gly Gly Thr Asp Tyr Ser Gln Arg Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1367
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1367
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1368
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1368
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1369
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1369
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1370
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1370
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1371
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1371
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1372
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1372
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1373
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1373
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1374
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1374
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1375
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1375
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1376
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1376
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Asp Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1377
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1377
Trp Ile Ser Pro Asn Asn Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1378
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1378
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1379
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1379
Trp Ile Ser Pro Asn Gln Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Asp

<210> 1380
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1380
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1381
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1381
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1382
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1382
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1383
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1383
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1384
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1384
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1385
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1385
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1386
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1386
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1387
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1387
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1388
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1388
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1389
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1389
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1390
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1390

Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1391
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1391
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1392
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1392
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1393
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1393
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1394
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1394
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Glu Asn Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1395
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1395
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1396
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1396
Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1397
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1397
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1398
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1398
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1399
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1399
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1400
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1400
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1401
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1401
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1402
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1402
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1403
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1403
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1404
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1404
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1405
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1405
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1406
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1406
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1407
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1407
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1408
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1408
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1409
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1409
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1410
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1410
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1411
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1411
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1412
<211> 17
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1412
Trp Met Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Gly Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 1413
<211> 17

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1413
Val Ile Trp Tyr Asp Ala Ser Asn Lys Phe His Ala Asp Ala Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1414
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1414
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1415
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1415
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1416
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1416

Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1417
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1417
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1418
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1418
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1419
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1419
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1420
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1420
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1421
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1421
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1422
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1422
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1423
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1423
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1424
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1424
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1425
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1425
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1426
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1426
Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr
1 5

<210> 1427
<211> 9
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1427
Asp Val Ala Val Ala Gly Phe Asp Tyr
1 5

<210> 1428
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1428
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1429
<211> 12

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1429
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1430
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1430
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1431
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1431
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1432
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1432
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1433
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1433
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1434
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1434
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1435
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1435
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1436
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1436
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1437
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1437
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1438
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1438
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1439
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1439
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1440
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1440
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1441
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1441
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1442
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1442
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1443
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1443
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1444
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1444
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1445
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1445

Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1446
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1446
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1447
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1447
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1448
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1448
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1449
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1449
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1450
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1450
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1451
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1451
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1452
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1452
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1453
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1453
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1454
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1454
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1455
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1455
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1456
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1456
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1457
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1457
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1458
<211> 11

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1458
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1459
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1459
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1460
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1460
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1461
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1461
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 1462
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1462
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1463
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1463
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1464
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1464
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1465
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1465
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1466
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1466
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1467
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1467
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1468
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1468
Asp Gly Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1469
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1469
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1470
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1470
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1471
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1471
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1472
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1472
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1473
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1473
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1474
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1474

Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1475
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1475
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1476
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1476
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1477
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1477
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1478
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1478
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1479
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1479
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Glu Tyr
1 5 10

<210> 1480
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1480
Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr
1 5 10

<210> 1481
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1481
Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr
1 5 10

<210> 1482
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1482
Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr
1 5 10

<210> 1483
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1483
Gly Ile Thr Ile Phe Gly His Gly Phe Glu Tyr
1 5 10

<210> 1484
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1484
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1485
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1485
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1486
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1486
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1487
<211> 11

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1487
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1488
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1488
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1489
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1489
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1490
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1490
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1491
<211> 11
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1491
Asp Gln Ala Ile Phe Gly Val Val Pro Asp Tyr
1 5 10

<210> 1492
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1492
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1493
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1493
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1494
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1494
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1495
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1495
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1496
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1496
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1497
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1497
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1498
<211> 16
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1498
Asp Arg Ile Thr Ile Phe Gly Val Val Met Gly Gly Gly Met Asp Val
1 5 10 15

<210> 1499
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1499
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1500
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1500
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1501
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1501
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1502
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1502
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1503
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1503

Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1504
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1504
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1505
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1505
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1506
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1506
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1507
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1507
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1508
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1508
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1509
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1509
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1510
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1510
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1511
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1511
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1512
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1512
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1513
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1513
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1514
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1514
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1515
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1515
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1516
<211> 14

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1516
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1517
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1517
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1518
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1518
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1519
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1519
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1520
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1520
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1521
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1521
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1522
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1522
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1523
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1523
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Val Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1524
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1524
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1525
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1525
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1526
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1526
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1527
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1527
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1528
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1528
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1529
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1529
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1530
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1530
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1531
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1531
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1532
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1532

Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1533
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1533
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1534
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1534
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1535
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1535
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1536
<211> 14
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1536
Glu Ala Thr Ile Phe Gly Met Leu Ile Val Pro Phe Asp Tyr
1 5 10

<210> 1537
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1537
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1538
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1538
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1539
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1539
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1540
<211> 19

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1540
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1541
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1541
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1542
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1542
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1543
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1543
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1544
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1544
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1545
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1545
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1546
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1546

Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1547
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1547
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1548
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1548
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1549
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1549
Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1550
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1550
Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1551
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1551
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Val Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1552
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1552
Asp Arg Thr Ile Phe Gly Val Leu Leu Gly Asp Tyr
1 5 10

<210> 1553
<211> 19
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1553
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Thr Tyr Arg Pro His Tyr Tyr Tyr Gly
1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 1554
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1554
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1555
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1555
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1556
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1556
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1557
<211> 12

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1557
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1558
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1558
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1559
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1559
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1560
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1560
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1561
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1561
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1562
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1562
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1563
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1563
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1564
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1564
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1565
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1565
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1566
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1566
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1567
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1567
Gly Gly Asp Tyr Val Trp Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1568
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1568
Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1569
<211> 20
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1569
Gly Gly Asp Tyr Val Phe Gly Ser Tyr Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr
1 5 10 15

Gly Met Asp Val
20

<210> 1570
<211> 12
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Peptit tổng hợp

<400> 1570
Gly Lys Val Ala Gly Met Pro Glu Ala Phe Glu Ile
1 5 10

<210> 1571
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1571
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1572
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1572
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1573
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1573
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1574
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1574
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1575
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1575
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1576
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1576
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1577
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1577
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1578
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1578
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1579
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1579
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1580
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1580
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1581
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1581
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaacgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1582
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1582
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1583
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1583
gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgtc gggcgagtca gggtcttatc atctggttag cctggtatca gcagaaaccg 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggctc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctacagcct 240
gaagattttg caacttacta ttgtcaacag actaacagtt tccctccgac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa acga 324

<210> 1584
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1584
gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgtc gggcgagtca gggtcttatc atctggttag cctggtatca gcagaaaccg 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggctc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctacagcct 240
gaagattttg caacttacta ttgtcaacag actaacagtt tccctccgac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa acga 324

<210> 1585
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1585
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1586
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1586
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1587
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1587
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1588
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1588
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1589
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1589
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaacgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1590
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1590
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acga 324

<210> 1591
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1591
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1592
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1592
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1593
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1593
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1594
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1594
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1595
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1595
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1596
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1596
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1597
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1597
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1598
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1598
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1599
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1599
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1600
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1600
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180

aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1601
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1601
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1602
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1602
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1603
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1603
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1604
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1604
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1605
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1605
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1606
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1606
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1607
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1607
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1608
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1608
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1609
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1609
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1610
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1610
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1611
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1611
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1612
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1612
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1613
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1613
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300

accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1614
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1614
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1615
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1615
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1616
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1616
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1617
<211> 321

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1617
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1618
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1618
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg a 321

<210> 1619
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1619
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1620
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1620
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1621
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1621
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1622
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1622
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1623
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1623
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1624
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1624
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1625
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1625
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1626
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1626
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1627
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1627
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1628
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1628
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1629
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1629
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1630
<211> 321

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1630
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1631
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1631
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1632
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1632
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1633
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1633
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1634
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1634
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1635
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1635
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccaaggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1636
<211> 321
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1636
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60

atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccaaggg 300
accaaagtgg atatcaaacg a 321

<210> 1637
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1637
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acga 324

<210> 1638
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1638
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acga 324

<210> 1639
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1639
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300

gggacacgac tggagattaa acga 324

<210> 1640
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1640
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acga 324

<210> 1641
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1641
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1642
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1642
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1643

<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1643
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1644
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1644
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1645
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1645
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact tccctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1646
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1646
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact atcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1647
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1647
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1648
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1648
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acga 324

<210> 1649
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1649
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1650
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1650
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1651
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1651
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1652
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1652
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1653
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1653
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

210> 1654
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1654
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1655
<211> 327
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1655
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacga 327

<210> 1656
<211> 342
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1656
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1657
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1657
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1658
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1658
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1659
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1659
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1660
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1660
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1661
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1661
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1662
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1662
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120

tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1663
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1663
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1664
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1664
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1665
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1665
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1666
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1666
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1667
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1667
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1668
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1668
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1669
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1669
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1670
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1670
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1671
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1671
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1672
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1672
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1673
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1673
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1674
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1674
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1675
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1675
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180

gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1676
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1676
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1677
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1677
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1678
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1678
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1679
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1679
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1680
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1680
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1681
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1681
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1682
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1682
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1683
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1683
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1684
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1684
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1685
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1685
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1686
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1686
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1687
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1687
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1688
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1688
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240

atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1689
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1689
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1690
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1690
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1691
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1691
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1692
<211> 342

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1692
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1693
<211> 342
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1693
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac ga 342

<210> 1694
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1694
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1695
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1695
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1696
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1696
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1697
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1697
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1698
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1698
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60

tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1699
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1699
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1700
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1700
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1701
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1701
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1702
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1702
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1703
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1703
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1704
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1704
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1705
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1705
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1706
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1706
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1707
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1707
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1708
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1708

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1709
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1709
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acga 324

<210> 1710
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1710
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcaactc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggt 333

<210> 1711
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1711
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300

gggaccaagc tggagatcac acga 324

<210> 1712
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1712
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tgagcagttc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1713
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1713
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1714
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1714
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1715
<211> 324

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1715
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcac acga 324

<210> 1716
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1716
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1717
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1717
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1718
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1718
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1719
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1719
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1720
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1720
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1721
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1721
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tgagcagttc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1722
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1722
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acattcgaaa gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1723
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1723
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1724
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1724
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1725
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1725
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1726
<211> 333
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1726
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acattcgaaa gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggt 333

<210> 1727
<211> 324
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1727
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgctcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acga 324

<210> 1728
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1728

cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1729
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1729
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1730
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1730
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1731
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1731
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1732
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1732
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1733
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1733
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1734
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1734
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1735
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1735
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1736
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1736
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1737
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1737
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atggaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1738
<211> 363
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1738
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1739
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1739
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atggaaataa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1740
<211> 351
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1740
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctcaggg ctccatcagt agttactact ggagctggat ccggcagccc 120
gccgggaagg gactagagtg gattggccgt atctatacca gtgggagcac caactacaac 180
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240
aaactgaact ctgtgaccgc cgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatgtagca 300
gtggctggct ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1741
<211> 351
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1741
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggggg ctccatcagt agttactact ggagctggat ccggcagccc 120
gccgggaagg gactagagtg gattggccgt atctatacca gtgggagcac caactacaac 180
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240
aaactgaact ctgtgaccgc cgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatgtagca 300
gtggctggct ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1742
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1742
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1743
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1743
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1744
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1744

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1745
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1745
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1746
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1746
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1747
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1747
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1748
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1748
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1749
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1749
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1750
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1750
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1751
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1751
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1752
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1752
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1753
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1753
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatagg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1754
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1754
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1755
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1755
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1756
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1756
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1757
<211> 363
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1757
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1758
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1758
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1759
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1759
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1760
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1760
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1761
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1761
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1762
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1762
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1763
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1763

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1764
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1764
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1765
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1765
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1766
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1766
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180

gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1767
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1767
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1768
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1768
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1769
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1769
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1770
<211> 360

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1770
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1771
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1771
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1772
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1772
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1773
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1773
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1774
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1774
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1775
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1775
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1776
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1776
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1777
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1777
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1778
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1778
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1779
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1779
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tca 363

<210> 1780
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1780
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1781
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1781
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1782
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1782
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1783
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1783
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1784
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1784
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1785
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1785
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1786
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1786
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1787
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1787
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1788
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1788
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1789
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1789
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1790
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1790
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atggaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1791
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1791
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1792
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1792
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1793
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1793
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1794
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1794
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gaagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1795
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1795
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gaagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1796
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1796
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gaagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1797
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1797
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gaagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1798
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1798
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1799
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1799

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1800
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1800
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atggaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1801
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1801
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1802
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1802
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300

gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1803
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1803
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1804
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1804
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1805
<211> 360
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1805
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

<210> 1806
<211> 378
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1806
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1807
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1807
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1808
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1808
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1809
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1809
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1810
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1810
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1811
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1811
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1812
<211> 378
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1812
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1813
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1813
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1814
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1814
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1815
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1815
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1816
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1816
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1817
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1817
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1818
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1818
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1819
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1819
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1820
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1820
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1821
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1821
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1822
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1822
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1823
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1823
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1824
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1824
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240

atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1825
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1825
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1826
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1826
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1827
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1827
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300

acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1828
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1828
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1829
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1829
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1830
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1830
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 1831
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1831
caggtgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1832
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1832
caggtgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1833
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1833
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1834
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1834
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1835
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1835
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1836
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1836
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1837

<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1837
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1838
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1838
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1839
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1839
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1840
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1840
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1841
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1841
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1842
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1842
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1843
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1843
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1844
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1844
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1845
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1845
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1846
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1846
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1847
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1847
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1848
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1848
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1849
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1849

caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1850
<211> 369
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1850
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 1851
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1851
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggag 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1852
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1852
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240

atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1853
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1853
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1854
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1854
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1855
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1855
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1856
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1856
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1857
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1857
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1858
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1858
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1859
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1859
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1860
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1860
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1861
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1861
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1862
<211> 384

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1862
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1863
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1863
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt tcgggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1864
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1864
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt tcgggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1865
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1865
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1866
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1866
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 1867
<211> 384
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1867
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctca 384

<210> 1868
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1868
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtacag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taagttccat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1869
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1869
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagaggggat 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1870
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1870
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1871
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1871
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtacag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1872
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1872
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1873
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1873
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacattggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1874
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1874
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1875
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1875
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1876
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1876
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1877
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1877
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1878
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1878
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1879
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1879
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1880
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1880

caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1881
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1881
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1882
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1882
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt tcgggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1883
<211> 387
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1883
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggt 300
gattacgttt tcgggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctca 387

<210> 1884
<211> 363
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1884
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacattggt caccgtctct 360
tca 363

<210> 1885
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1885
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 1886
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1886
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1887
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1887
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1888
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1888
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1889
<211> 660
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1889
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1890
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1890
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1891
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1891
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420

ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1892
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1892
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1893
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1893
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
tctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1894
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1894
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1895
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1895
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaacgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1896
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1896
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1897
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1897
gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgtc gggcgagtca gggtcttatc atctggttag cctggtatca gcagaaaccg 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggctc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctacagcct 240
gaagattttg caacttacta ttgtcaacag actaacagtt tccctccgac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1898
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1898
gacatccaga tgacccagtc tccatcttcc gtgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgtc gggcgagtca gggtcttatc atctggttag cctggtatca gcagaaaccg 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggctc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctacagcct 240
gaagattttg caacttacta ttgtcaacag actaacagtt tccctccgac gttcggccaa 300
gggaccaagg tggaaatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1899
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1899
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1900
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1900
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1901
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1901
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1902
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1902
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1903
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1903
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaacgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1904
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1904
gacattcaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gggcattaga aatgagttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagag ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg taacttatta ctgtctacag cataatagtt acccattcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatgtcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540

ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1905
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1905
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1906
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1906
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1907
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1907
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1908
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1908
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1909
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1909
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

210> 1910

<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1910
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1911
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1911
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1912
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1912
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300

gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1913
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1913
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1914
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1914
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1915
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1915
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1916
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1916
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1917
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1917
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600

ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1918
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1918
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1919
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1919
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca ccagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1920
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1920
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1921
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1921
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1922
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1922
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1923
<211> 642
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1923
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1924
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1924
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1925
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1925
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360

gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1926
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1926
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1927
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1927
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1928
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1928
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1929
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1929
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1930
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1930
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1931
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1931
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1932
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1932
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattagc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctacgat gcatccaatt tggaaacagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttagtctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatattc tcctcacttt cggcggaggg 300
accaaggtgg agatcaagcg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1933
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1933
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240

gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1934
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1934
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1935
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1935
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1936
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1936
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1937
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1937
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1938
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1938
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600

ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1939
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1939
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccct 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1940
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1940
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1941
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1941
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120

gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1942
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1942
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1943
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1943
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1944
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1944
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1945
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1945
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1946
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1946
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactttca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagatattg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480

agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1947
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1947
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1948
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1948
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccctggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1949
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1949

gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccaaggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1950
<211> 639
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1950
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtggggga cagagtcacc 60
atcacttgcc aggcgagtca ggacattacc aactatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaactcct gatctacgat gcttccaatt tggagccagg ggtcccatca 180
aggttcagtg gaagtggatc tgggacagat tttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240
gaagattttg caacatatta ctgtcaacag tatgatgatc tattcacttt cggccaaggg 300
accaaagtgg atatcaaacg aacggtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360
gatgagcagt tgaaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa cttctatccc 420
agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480
agtgtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540
agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcaccca tcagggcctg 600
agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 1951
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1951
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1952
<211> 642

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1952
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1953
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1953
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1954
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1954
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gatttttacc agcacctact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagattggag 240
cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctcg cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360

tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1955
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1955
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1956
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1956
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1957
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1957
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1958
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1958
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
agggtcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctgcagtct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1959
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1959
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact tccctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1960
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1960
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact atcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1961
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1961
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240
gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1962
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1962
gaaatagtga tgacgcagtc tccagccacc ctgtctgtgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaacttag cctggtacca gcagaaacct 120
ggccaggctc ccaggctcct catctatggt gcagccacca gggccactgg tatcccagcc 180
aggttcagtg gcagtgggtc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag cctggagcct 240

gaagattttg cagtttatta ctgtcagcag tataataact ggcctctcac tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 1963
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1963
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1964
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1964
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1965
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1965
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1966
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1966
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1967
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1967
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540

acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1968
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1968
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1969
<211> 645
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1969
gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60
ctctcctgca gggccagtca gagtattagt tacagttact tagcctggta ccagcagaaa 120
cctggccagg ctccccggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagacaggag 240
cctgatgatt ttgcagtgta ttactgtcag cagtatggta gttcaccgct cactttcggc 300
ggagggacca aggtggagat caaacgaacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420
tatcccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtaactcc 480
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcaccctg 540
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600
ggcctgagct cgcccgtcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 1970
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1970

gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1971
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1971
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1972
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1972
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1973
<211> 660

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1973
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1974
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1974
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1975
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1975
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360

gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1976
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1976
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1977
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1977
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1978
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1978
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agcaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1979
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1979
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1980
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1980
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1981
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1981
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1982
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1982
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1983
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1983
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240

atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1984
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1984
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1985
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1985
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1986
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1986
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1987
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1987
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1988
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1988
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600

gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1989
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1989
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccaac agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1990
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1990
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1991
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1991
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120

tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1992
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1992
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acatcctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1993
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1993
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1994
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1994
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacatagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acaacctcct aagctgctca tttactgggc atctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gttttttact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1995
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1995
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1996
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1996
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480

caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1997
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1997
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1998
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1998
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 1999
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 1999

gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2000
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2000
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2001
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2001
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2002
<211> 660

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2002
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2003
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2003
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2004
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2004
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360

gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2005
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2005
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctgtctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aacctgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2006
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2006
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gattccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2007
<211> 660
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2007
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tccagctcca acaataagaa ctacttagct 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aaactgctca tttactggac ttctacccga 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcaacagcc tgcaggctga agatgtggct gtttattact gtcagcaata ttatcgtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaac gaacggtggc tgcaccatct 360
gtcttcatct tcccgccatc tgatgagcag ttgaaatctg gaactgcctc tgttgtgtgc 420
ctgctgaata acttctatcc cagagaggcc aaagtacagt ggaaggtgga taacgccctc 480
caatcgggta actcccagga gagtgtcaca gagcaggaca gcaaggacag cacctacagc 540
ctcagcagca ccctgacgct gagcaaagca gactacgaga aacacaaagt ctacgcctgc 600
gaagtcaccc atcagggcct gagctcgccc gtcacaaaga gcttcaacag gggagagtgt 660

<210> 2008
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2008
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2009
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2009
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2010
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2010
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2011
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2011
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2012
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2012
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240

tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2013
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2013
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2014
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2014
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2015
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2015
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgca aggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2016
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2016
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2017
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2017
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg acagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600

catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2018
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2018
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2019
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2019
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2020
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2020
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaattatg taaactggta ccagcacctc 120

ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgaa tgctccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2021
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2021
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtcaaactg taaactggta ccagcacctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgatg aaagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2022
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2022
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggaccttaga aattatttag gctggtatca acagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2023
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2023
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctataggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca ggacattaga gattatttag gctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaagcgcct gatctatggt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccttca 180
aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttcactctca caatcagcag cctgcagcct 240
gaagatttcg caacttatta ctgtctacag cataataatt acccccttcac tttcggccaa 300
gggaccaaag tggatatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2024
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2024
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagtagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcaactc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat actaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc ttgccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta tttctgtgca acattcgata gcagcctgag tggtccggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2025
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2025
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcac acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480

gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2026
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2026
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tgagcagttc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2027
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2027
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2028
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2028

gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2029
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2029
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcac acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2030
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2030
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctaagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2031
<211> 642

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2031
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2032
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2032
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60
atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120
gggaaagccc ctgagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgatcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2033
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2033
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300

ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2034
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2034
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2035
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2035
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tgagcagttc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2036
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2036
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acattcgaaa gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2037
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2037
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2038
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2038
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2039
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2039
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2040
<211> 648
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2040
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattgga aataattatg tatcctggta tcagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggccatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acattcgaaa gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaaact gaccgtccta ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact 360
ctgttcccgc cctcctctga ggagcttcaa gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata 420
agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag 480
gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc 540
tatctgagcc tgacgcctga gcagtggaag tcccacagaa gctacagctg ccaggtcacg 600
catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg gcccctacag aatgttca 648

<210> 2041
<211> 642
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2041
gacatccagc tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcact 60

atcacttgcc gggcaagtca gaccattagc aggtttttaa attggtatca gcagaaacct 120

gggaaagccc ctaagctcct gatctatgtt gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
agattcagtg gcagtggttc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccctgctcag ttttggccag 300
gggaccaagc tggagatcaa acgaacggtg gctgcaccat ctgtcttcat cttcccgcca 360
tctgatgagc agttgaaatc tggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420
cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480
gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540
ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc 600
ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gt 642

<210> 2042
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2042
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2043
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2043
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240

ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2044
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2044
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2045
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2045
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2046
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2046
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2047
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2047
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2048
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2048
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2049
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2049
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2050
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2050
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2051
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2051
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atggaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2052
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2052
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2053
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2053
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atggaaataa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2054
<211> 1341
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2054
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctcaggg ctccatcagt agttactact ggagctggat ccggcagccc 120
gccgggaagg gactagagtg gattggccgt atctatacca gtgggagcac caactacaac 180
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240
aaactgaact ctgtgaccgc cgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatgtagca 300
gtggctggct ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc agcctccacc 360
aagggcccat cggtcttccc cctggcaccc tcctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420
gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcctc aggactctac 540
tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac ctacatctgc 600
aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga aagttgagcc caaatcttgt 660
gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaac tcctgggggg accgtcagtc 720
ttcctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780
tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgtgtgagg agcagtacgg cagcacgtac 900
cgttgtgtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960
tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020
gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080
aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 1200
gacggctcct tcttcctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260
aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320
ctctccctgt ctccgggtaa a 1341

<210> 2055
<211> 1341
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2055
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggggg ctccatcagt agttactact ggagctggat ccggcagccc 120

gccgggaagg gactagagtg gattggccgt atctatacca gtgggagcac caactacaac 180
ccctccctca agagtcgagt caccatgtca atagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240
aaactgaact ctgtgaccgc cgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatgtagca 300
gtggctggct ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc agcctccacc 360
aagggcccat cggtcttccc cctggcaccc tcctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420
gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcctc aggactctac 540
tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac ctacatctgc 600
aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga aagttgagcc caaatcttgt 660
gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaac tcctgggggg accgtcagtc 720
ttcctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780
tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgtgtgagg agcagtacgg cagcacgtac 900
cgttgtgtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960
tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020
gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080
aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 1200
gacggctcct tcttcctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260
aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320
ctctccctgt ctccgggtaa a 1341

<210> 2056
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2056
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2057
<211> 1353

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2057
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2058
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2058
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960

aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2059
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2059
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2060
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2060
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360

tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2061
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2061
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2062
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2062
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2063
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2063
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200

gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2064
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2064
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2065
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2065
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2066
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2066
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agtcgcggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2067
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2067

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatagg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2068
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2068
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa tacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attattgtgc gcgagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2069
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2069
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2070
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2070
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840

tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2071
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2071
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2072
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2072
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2073
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2073
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2074
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2074
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2075
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2075
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcacatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080

gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2076
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2076
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2077
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2077
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480

tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2078
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2078
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgcggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2079
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2079
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2080
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2080
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300
acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320

acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2081
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2081
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2082
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2082
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2083
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2083
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2084
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2084
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2085
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2085
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2086
<211> 1350

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2086
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagcgaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccc 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2087
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2087
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccc 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2088
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2088
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2089
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2089
caggtgcaac tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300
acgatttttg gagtggttct tgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360

gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2090
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2090
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2091
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2091
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2092
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2092
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200

gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2093
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2093
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2094
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2094
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600

acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2095
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2095
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2096
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2096

caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatggg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2097
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2097
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2098
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2098
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2099
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2099
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2100
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2100
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2101
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2101
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2102
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2102
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2103
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2103
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2104
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2104
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atggaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080

atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2105
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2105
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2106
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2106
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480

tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2107
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2107
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt ctccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccagcct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtatg atgcaaataa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca gttccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
acgatttttg gagtggtcct tgagtacctc ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2108
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2108
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gaagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2109
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2109
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gaagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2110
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2110
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gaagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2111
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2111
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cagtttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg gactggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gaagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgttt 240
ctgcaagtga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagggatt 300
acgatttttg gtcatgggtt tgaatattgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720

ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2112
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2112
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2113
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2113
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2114
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2114
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atggaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2115

<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2115
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2116
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2116
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900

agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2117
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2117
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2118
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2118
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcgagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300

gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2119
<211> 1350
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2119
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag catctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagct atatggtttg atgcaagtga taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcag 300
gcgatttttg gagtggtccc cgactactgg ggccagggaa ccctggtcac cgtctcctca 360
gcctccacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcaccct cctccaagag cacctctggg 420
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 480
tggaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca 540
ggactctact ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg cacccagacc 600
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagaa agttgagccc 660
aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 720
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct 780
gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 840
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgtgtgagga gcagtacggc 900
agcacgtacc gttgtgtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 960
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1020
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1080
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1140
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1200
ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1260
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1320
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1350

<210> 2120
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2120
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2121
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2121
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140

ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2122
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2122
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2123
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2123
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540

gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2124
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2124
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2125
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2125
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcagagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2126
<211> 1368
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2126
caggtgcagt tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagccccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagat 300
cgtattacga tttttggagt ggttatgggg ggcggtatgg acgtctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagc ctccaccaag ggcccatcgg tcttcccccc ggcaccctcc 420
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtcaagga ctacttcccc 480
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 540
gctgtcctac agtcctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 600
agcttgggca cccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 660
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 720
cctgaactcc tgggggggacc gtcagtcttc ctcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 840
gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 900
tgtgaggagc agtacggcag cacgtaccgt tgtgtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 960
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1080
cccccatccc gggaggagat gaccaagaac caggtcagcc tgacctgcct ggtcaaaggc 1140
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1200
aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tcctctatag caagctcacc 1260

gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1320
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tccctgtctc cgggtaaa 1368

<210> 2127
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2127
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2128
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2128
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2129
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2129
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2130
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2130
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2131
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2131
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2132

<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2132
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2133
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2133
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900

cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2134
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2134
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2135
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2135
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300

acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2136
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2136
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acgctggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2137
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2137
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga acagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2138
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2138
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2139
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2139
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2140
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2140
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2141
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2141
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2142
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2142
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2143
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2143
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2144
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2144
caggtgccgc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgtgtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga cacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2145
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2145
caggtgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2146
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2146
caggtgcagc tggtacagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg atcagcccta acagtggtga aacaagctat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagactgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2147
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2147
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180

tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2148
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2148
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag gttcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2149
<211> 1359
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2149
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg acagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2150
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2150
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2151
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2151
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tccactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gacttgagtg gatggggtgg atcaaccctg aaagtggtgg cacagactat 180
tcacagaggt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggaactga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatggttat tgtaccgttt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggaccccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2152
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2152
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2153
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2153
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2154
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2154
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggaccccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2155
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2155
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggaccccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2156
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2156
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2157
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2157
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600

acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2158
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2158
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtac gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2159
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2159

caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2160
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2160
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2161
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2161
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga cacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2162
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2162
caggtgccgc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta acaatggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2163
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2163
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2164
<211> 1359
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2164
caggtgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgtcaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatggggtgg ataagcccta accaaggtga aacaaactat 180
gcacagaagt ttcaggacag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctat 240

atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagaggcc 300
acgatttttg gaatgcttat tgtaccattt gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360
gtctcctcag cctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600
acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 720
ctgggggggac cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780
cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gtgtgaggag 900
cagtacggca gcacgtaccg ttgtgtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtcaaagg cttctatccc 1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggtaaa 1359

<210> 2165
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2165
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2166
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2166
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2167
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2167
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080

accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2168
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2168
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2169
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2169
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420

ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2170
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2170
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2171
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2171
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2172
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2172
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080

accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2173
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2173
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2174
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2174
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360

```
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca      420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac      480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc      540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc      600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc      660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc      720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac      780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa      840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca      900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg      960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca     1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac     1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc     1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac     1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag     1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat     1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa           1374
```

<210> 2175
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2175

```
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc       60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc      120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat      180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac      240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggggg     300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa      360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca      420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac      480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc      540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc      600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc      660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc      720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac      780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa      840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca      900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg      960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca     1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac     1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc     1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac     1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag     1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat     1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa           1374
```

<210> 2176
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2176
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2177
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2177
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt tcgggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt cccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020

gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2178
<211> 1374
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2178
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt tcgggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2179
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2179
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt cactttcagt aactttggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa tgaaaactat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatagg 300

acgatctttg gagtggtctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2180
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2180
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt tactttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taaatactat 180
gcagacgccg tgaagggccg cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gcgagatagg 300
acgatttttg gagtgctctt gggggactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2181
<211> 1374
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2181
cagatgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttccggata caccttcacc ggctactata tgcattgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag tacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag gtctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggg 300
gattacgttt gggggactta tcggcctcac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa 360
gggaccacgg tcaccgtctc ctcagcctcc accaagggcc catcggtctt ccccctggca 420
ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac 480
ttccccgaac cggtgacggt gtcgtggaac tcaggcgccc tgaccagcgg cgtgcacacc 540
ttcccggctg tcctacagtc ctcaggactc tactccctca gcagcgtggt gaccgtgccc 600
tccagcagct tgggcaccca gacctacatc tgcaacgtga atcacaagcc cagcaacacc 660
aaggtggaca agaaagttga gcccaaatct tgtgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc 720
ccagcacctg aactcctggg gggaccgtca gtcttcctct tccccccaaa acccaaggac 780
accctcatga tctcccggac ccctgaggtc acatgcgtgg tggtggacgt gagccacgaa 840
gaccctgagg tcaagttcaa ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca 900
aagccgtgtg aggagcagta cggcagcacg taccgttgtg tcagcgtcct caccgtcctg 960
caccaggact ggctgaatgg caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctccca 1020
gcccccatcg agaaaaccat ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acaggtgtac 1080
accctgcccc catcccggga ggagatgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc 1140
aaaggcttct atcccagcga catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagaac 1200
aactacaaga ccacgcctcc cgtgctggac tccgacggct ccttcttcct ctatagcaag 1260
ctcaccgtgg acaagagcag gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat 1320
gaggctctgc acaaccacta cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaa 1374

<210> 2182
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2182
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtacag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taagttccat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960

aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2183
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2183
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagaggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttccccg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2184
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2184
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2185
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2185
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtacag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2186
<211> 1353

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2186
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2187
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2187
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacattggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900

ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2188
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2188
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt ccccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag cccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2189
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2189
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taagttccat 180

gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacaaaggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2190
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2190
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagaggggat 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2191

<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2191
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2192
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2192
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840

gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2193
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2193
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggat 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2194
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2194
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120

actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagaggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2195
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2195
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtaa cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggggt 300
gattacgttt gggggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2196
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2196
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
actggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctcaggac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt tcgggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780
gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2197
<211> 1377
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2197
caaatgcagc tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc agttatgata tcaactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atgaacccta acagtggtgg cacaggctat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cctccataag cacagcctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagagggggt 300
gattacgttt tcgggagtta tcgtccctac tactactact acggtatgga cgtctggggc 360
caagggacca cggtcaccgt ctcctcagcc tccaccaagg gcccatcggt cttccccctg 420
gcaccctcct ccaagagcac ctctgggggc acagcggccc tgggctgcct ggtcaaggac 480
tacttccccg aaccggtgac ggtgtcgtgg aactcaggcg ccctgaccag cggcgtgcac 540
accttcccgg ctgtcctaca gtcctcagga ctctactccc tcagcagcgt ggtgaccgtg 600
ccctccagca gcttgggcac ccagacctac atctgcaacg tgaatcacaa gcccagcaac 660
accaaggtgg acaagaaagt tgagcccaaa tcttgtgaca aaactcacac atgcccaccg 720
tgcccagcac ctgaactcct gggggggaccg tcagtcttcc tcttcccccc aaaacccaag 780

gacaccctca tgatctcccg gacccctgag gtcacatgcg tggtggtgga cgtgagccac 840
gaagaccctg aggtcaagtt caactggtac gtggacggcg tggaggtgca taatgccaag 900
acaaagccgt gtgaggagca gtacggcagc acgtaccgtt gtgtcagcgt cctcaccgtc 960
ctgcaccagg actggctgaa tggcaaggag tacaagtgca aggtctccaa caaagccctc 1020
ccagccccca tcgagaaaac catctccaaa gccaaagggc agccccgaga accacaggtg 1080
tacaccctgc ccccatcccg ggaggagatg accaagaacc aggtcagcct gacctgcctg 1140
gtcaaaggct tctatcccag cgacatcgcc gtggagtggg agagcaatgg gcagccggag 1200
aacaactaca agaccacgcc tcccgtgctg gactccgacg gctccttctt cctctatagc 1260
aagctcaccg tggacaagag caggtggcag caggggaacg tcttctcatg ctccgtgatg 1320
catgaggctc tgcacaacca ctacacgcag aagagcctct ccctgtctcc gggtaaa 1377

<210> 2198
<211> 1353
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 2198
caggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tacactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atgcaagtaa taagttccat 180
gcagacgccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac tcggctatgt acttctgtgc gagaggaaaa 300
gtggctggta tgcctgaagc ttttgaaatc tggggccaag ggacattggt caccgtctct 360
tcagcctcca ccaagggccc atcggtcttc cccctggcac cctcctccaa gagcacctct 420
gggggcacag cggccctggg ctgcctggtc aaggactact tccccgaacc ggtgacggtg 480
tcgtggaact caggcgccct gaccagcggc gtgcacacct tcccggctgt cctacagtcc 540
tcaggactct actccctcag cagcgtggtg accgtgccct ccagcagctt gggcacccag 600
acctacatct gcaacgtgaa tcacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaagttgag 660
cccaaatctt gtgacaaaac tcacacatgc ccaccgtgcc cagcacctga actcctgggg 720
ggaccgtcag tcttcctctt cccccaaaa cccaaggaca ccctcatgat ctcccggacc 780
cctgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg agccacgaag accctgaggt caagttcaac 840
tggtacgtgg acggcgtgga ggtgcataat gccaagacaa agccgtgtga ggagcagtac 900
ggcagcacgt accgttgtgt cagcgtcctc accgtcctgc accaggactg gctgaatggc 960
aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa gccctcccag ccccccatcga gaaaaccatc 1020
tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca caggtgtaca ccctgccccc atcccgggag 1080
gagatgacca agaaccaggt cagcctgacc tgcctggtca aaggcttcta tcccagcgac 1140
atcgccgtgg agtgggagag caatgggcag ccggagaaca actacaagac cacgcctccc 1200
gtgctggact ccgacggctc cttcttcctc tatagcaagc tcaccgtgga caagagcagg 1260
tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc gtgatgcatg aggctctgca caaccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt aaa 1353

<210> 2199
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2199
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2200
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2200
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2201
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2201
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2202
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2202
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2203
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2203
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2204
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2204
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2205
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2205
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2206
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2206
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2207
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2207
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2208
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2208

agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2209
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2209
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2210
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2210
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2211
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2211
cgggcgagtc agggtcttat catctggtta gcc 33

<210> 2212
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2212
cgggcgagtc agggtcttat catctggtta gcc 33

<210> 2213
<211> 33
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2213
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2214
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2214
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2215
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2215
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2216
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2216
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2217
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2217
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2218
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2218
cgggcaagtc agggcattag aaatgagtta ggc 33

<210> 2219
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2219
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2220
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2220
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2221
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2221
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2222
<211> 33

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2222
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2223
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2223
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2224
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2224
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2225
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2225
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2226
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2226
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2227
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2227
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2228
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2228
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2229
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2229
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2230
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2230
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2231

<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2231
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2232
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2232
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2233
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2233
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2234
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2234
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2235
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2235
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2236
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2236
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2237
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2237
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2238
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2238
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2239
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2239
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2240
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2240
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2241
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2241
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2242
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2242
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2243
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2243
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2244
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2244
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2245
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2245
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2246
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2246
caggcgagtc aggacattag caactattta aat 33

<210> 2247
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2247
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2248
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2248
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2249
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2249
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2250
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2250
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2251
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2251
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2252
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2252
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2253
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2253
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2254
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2254
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2255
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2255
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2256
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2256
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2257
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2257
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2258
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2258
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2259
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2259
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2260
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2260
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2261
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2261
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2262
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2262
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2263
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2263
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2264
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2264
caggcgagtc aggacattac caactattta aat 33

<210> 2265
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2265
agggccagtc agatttttac cagcacctac ttagcc 36

<210> 2266
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2266

agggccagtc agatttttac cagcacctac ttagcc 36

<210> 2267
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2267
agggccagtc agatttttac cagcacctac ttagcc 36

<210> 2268
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2268
agggccagtc agatttttac cagcacctac ttagcc 36

<210> 2269
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2269
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2270
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2270
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2271
<211> 33
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2271
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2272
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2272
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2273
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2273
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2274
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2274
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2275
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2275
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2276
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2276
agggccagtc agagtgttag cagcaactta gcc 33

<210> 2277
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2277
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2278
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2278
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2279
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2279
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2280
<211> 36

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2280
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2281
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2281
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2282
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2282
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2283
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2283
agggccagtc agagtattag ttacagttac ttagcc 36

<210> 2284
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2284
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2285
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2285
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2286
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2286
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2287
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2287
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2288
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2288
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2289

<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2289
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2290
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2290
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2291
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2291
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2292
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2292
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2293
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2293
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2294
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2294
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2295
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2295
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2296
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2296
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2297
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2297
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2298
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2298
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2299
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2299
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2300
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2300
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2301
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2301
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2302
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2302
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2303
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2303
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2304
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2304
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2305
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2305
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2306
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2306
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2307
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2307
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2308
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2308
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacatagc t 51

<210> 2309
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2309
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2310
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2310
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2311
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2311
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2312
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2312
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2313
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2313
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2314
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2314
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2315
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2315
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2316
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2316
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2317
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2317
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2318
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2318
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2319
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2319
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2320
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2320
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2321
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2321
aagtccagcc agagtgtttt atccagctcc aacaataaga actacttagc t 51

<210> 2322
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2322
tctggaagta gctccaacat cggaagtcaa actgtaaac 39

<210> 2323
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2323
tctggaagta gctccaacat cggaagtcaa actgtaaac 39

<210> 2324
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2324

tctggaagta gctccaacat cggaagtaat tatgtaaac 39

<210> 2325
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2325
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat tatgtaaac 39

<210> 2326
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2326
tctggaagta gctccaacat cggaagtcaa actgtaaac 39

<210> 2327
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2327
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat tatgtaaac 39

<210> 2328
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2328
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2329
<211> 39
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2329
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2330
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2330
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2331
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2331
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2332
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2332
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2333
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2333
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat tatgtaaac 39

<210> 2334
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2334
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat tatgtaaac 39

<210> 2335
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2335
tctggaagta gctccaacat cggaagtcaa actgtaaac 39

<210> 2336
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2336
cgggcaagtc aggaccttag aaattattta ggc 33

<210> 2337
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2337
cgggcaagtc aggacattag agattattta ggc 33

<210> 2338
<211> 39

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2338
tctggaagta gctccaacat cggaagtaat actgtaaac 39

<210> 2339
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2339
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2340
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2340
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2341
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2341
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2342
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2342
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2343
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2343
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2344
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2344
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2345
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2345
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2346
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2346
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2347

<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2347
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2348
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2348
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2349
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2349
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2350
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2350
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2351
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2351
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2352
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2352
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2353
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2353
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2354
<211> 39
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2354
tctggaagca gctccaacat tggaaataat tatgtatcc 39

<210> 2355
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2355
cgggcaagtc agaccattag caggttttta aat 33

<210> 2356
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2356
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2357
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2357
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2358
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2358
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2359
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2359
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2360
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2360
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2361
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2361
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2362
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2362
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2363
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2363
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2364
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2364
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2365
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2365
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2366
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2366
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2367
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2367
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2368
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2368
gctgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2369
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2369
gctgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2370
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2370
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2371
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2371
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2372
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2372
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2373
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2373
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2374
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2374
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2375
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2375
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2376
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2376
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2377
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2377
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2378
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2378
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2379
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2379
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2380
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2380
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2381
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2381
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2382
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2382

ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2383
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2383
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2384
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2384
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2385
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2385
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2386
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2386
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2387
<211> 21
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2387
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2388
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2388
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2389
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2389
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2390
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2390
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2391
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2391
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2392
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2392
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2393
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2393
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2394
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2394
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2395
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2395
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2396
<211> 21

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2396
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2397
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2397
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2398
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2398
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2399
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2399
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2400
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2400
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2401
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2401
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2402
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2402
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2403
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2403
gatgcatcca atttggaaac a 21

<210> 2404
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2404
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2405

<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2405
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2406
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2406
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2407
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2407
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2408
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2408
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2409
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2409
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2410
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2410
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2411
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2411
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2412
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2412
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2413
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2413
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2414
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2414
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2415
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2415
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2416
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2416
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2417
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2417
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2418
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2418
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2419
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2419
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2420
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2420
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2421
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2421
gatgcttcca atttggagcc a 21

<210> 2422
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2422
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2423
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2423
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2424
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2424
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2425
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2425
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2426
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2426
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2427
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2427
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2428
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2428
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2429
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2429
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2430
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2430
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2431
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2431
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2432
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2432
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2433
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2433
ggtgcagcca ccagggccac t 21

<210> 2434
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2434
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2435
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2435
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2436
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2436
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2437
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2437
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2438
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2438
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2439
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2439
ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2440
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2440

ggtgcatcca gcagggccac t 21

<210> 2441
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2441
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2442
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2442
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2443
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2443
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2444
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2444
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2445
<211> 21
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2445
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2446
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2446
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2447
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2447
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2448
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2448
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2449
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2449
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2450
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2450
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2451
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2451
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2452
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2452
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2453
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2453
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2454
<211> 21

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2454
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2455
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2455
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2456
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2456
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2457
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2457
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2458
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2458
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2459
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2459
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2460
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2460
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2461
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2461
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2462
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2462
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2463

<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2463
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2464
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2464
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2465
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2465
tgggcatcta cccgggaatc c 21

<210> 2466
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2466
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2467
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2467
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2468
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2468
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2469
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2469
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2470
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2470
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2471
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2471
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2472
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2472
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2473
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2473
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2474
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2474
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2475
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2475
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2476
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2476
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2477
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2477
tggacttcta cccgagattc c 21

<210> 2478
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2478
tggacttcta cccgagaatc c 21

<210> 2479
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2479
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2480
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2480
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2481
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2481
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2482
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2482
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2483
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2483
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2484
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2484
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2485
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2485
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2486
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2486
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2487
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2487
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2488
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2488
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2489
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2489
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2490
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2490
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2491
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2491
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2492
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2492
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2493
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2493
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2494
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2494
ggtgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2495
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2495
actaataatc agcggccctc a 21

<210> 2496
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2496
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2497
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2497
gacaataata agcgaccctc a 21

<210> 2498
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2498

gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2499
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2499
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2500
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2500
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2501
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2501
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2502
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2502
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2503
<211> 21
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2503
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2504
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2504
gacaataata agcgacccctc a 21

<210> 2505
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2505
gacaataata agcgacccctc a 21

<210> 2506
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2506
gacaataata agcgacccctc a 21

<210> 2507
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2507
gacaataata agcgacctc a 21

<210> 2508
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2508
gacaataata agcgaccctc a 21

<210> 2509
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2509
gacaataata agcgaccctc a 21

<210> 2510
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2510
gacaataata agcgaccctc a 21

<210> 2511
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2511
gacaataata agcgaccctc a 21

<210> 2512
<211> 21

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2512
gttgcatcca gtttgcaaag t 21

<210> 2513
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2513
gcaacattcg atgacagcct gaatggtccg gta 33

<210> 2514
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2514
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2515
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2515
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2516
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2516
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2517
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2517
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2518
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2518
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2519
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2519
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2520
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2520
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2521

<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2521
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2522
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2522
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2523
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2523
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2524
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2524
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2525
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2525
caacagacta acagtttccc tccgacg 27

<210> 2526
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2526
caacagacta acagtttccc tccgacg 27

<210> 2527
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2527
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2528
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2528
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2529
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2529
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2530
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2530
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2531
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2531
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2532
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2532
ctacagcata atagttaccc attcact 27

<210> 2533
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2533
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2534
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2534
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2535
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2535
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2536
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2536
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2537
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2537
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2538
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2538
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2539
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2539
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2540
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2540
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2541
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2541
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2542
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2542
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2543
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2543
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2544
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2544
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2545
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2545
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2546
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2546
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2547
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2547
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2548
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2548
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2549
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2549
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2550
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2550
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2551
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2551
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2552
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2552
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2553
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2553
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2554
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2554
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2555
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2555
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2556
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2556

caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2557
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2557
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2558
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2558
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2559
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2559
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2560
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2560
caacagtatg atattctcct cact 24

<210> 2561
<211> 27
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2561
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2562
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2562
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2563
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2563
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2564
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2564
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2565
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2565
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2566
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2566
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2567
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2567
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2568
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2568
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2569
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2569
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2570
<211> 24

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2570
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2571
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2571
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2572
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2572
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2573
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2573
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2574
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2574
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2575
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2575
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2576
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2576
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2577
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2577
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2578
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2578
caacagtatg atgatctatt cact 24

<210> 2579

<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2579
cagcagtatg gtagctcacc tcgc 24

<210> 2580
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2580
cagcagtatg gtagctcacc tcgc 24

<210> 2581
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2581
cagcagtatg gtagctcacc tcgc 24

<210> 2582
<211> 24
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2582
cagcagtatg gtagctcacc tcgc 24

<210> 2583
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2583
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2584
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2584
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2585
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2585
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2586
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2586
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2587
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2587
cagcagtata ataacttccc tctcact 27

<210> 2588
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2588
cagcagtata ataactatcc tctcact 27

<210> 2589
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2589
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2590
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2590
cagcagtata ataactggcc tctcact 27

<210> 2591
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2591
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2592
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2592
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2593
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2593
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2594
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2594
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2595
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2595
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2596
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2596
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2597
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2597
cagcagtatg gtagttcacc gctcact 27

<210> 2598
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2598
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2599
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2599
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2600
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2600
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2601
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2601
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2602
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2602
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2603
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2603
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2604
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2604
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2605
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2605
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2606
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2606
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2607
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2607
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2608
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2608
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2609
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2609
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2610
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2610
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2611
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2611
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2612
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2612
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2613
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2613
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2614
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2614

cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2615
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2615
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2616
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2616
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2617
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2617
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2618
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2618
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2619
<211> 27
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2619
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2620
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2620
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2621
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2621
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2622
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2622
caacaatatt atagtactcc gtggacg 27

<210> 2623
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2623
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2624
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2624
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2625
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2625
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2626
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2626
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2627
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2627
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2628
<211> 27

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2628
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2629
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2629
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2630
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2630
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2631
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2631
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2632
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2632
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2633
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2633
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2634
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2634
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2635
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2635
cagcaatatt atcgtactcc gtggacg 27

<210> 2636
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2636
gcaacattcg atgaaagcct gagtggtccg gta 33

<210> 2637

<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2637
gcaacattcg atgaaagcct gcaaggtccg gta 33

<210> 2638
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2638
gcaacattcg atgaaagcct gagtggtccg gta 33

<210> 2639
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2639
gcaacattcg atgaaagcct gcaaggtccg gta 33

<210> 2640
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2640
gcaacattcg atgacagcct gaatggtccg gta 33

<210> 2641
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2641
gcaacattcg atgacagcct gaatggtccg gta 33

<210> 2642
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2642
gcaacattcg atgaaagcct gaatggtccg gta 33

<210> 2643
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2643
gcaacattcg atgacagcct gcaaggtccg gta 33

<210> 2644
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2644
gcaacattcg atgacagcct gagtggtccg gta 33

<210> 2645
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2645
gcaacattcg atgacagcct gaatgctccg gta 33

<210> 2646
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2646
gcaacattcg atagcagcct gaatggtccg gta 33

<210> 2647
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2647
gcaacattcg atagcagcct gaatgctccg gta 33

<210> 2648
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2648
gcaacattcg atagcagcct gaatgctccg gta 33

<210> 2649
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2649
gcaacattcg atgaaagcct gagtggtccg gta 33

<210> 2650
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2650
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2651
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2651
ctacagcata ataattaccc cttcact 27

<210> 2652
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2652
gcaacattcg atagcagcct gagtggtccg gta 33

<210> 2653
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2653
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2654
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2654
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2655
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2655
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2656
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2656
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2657
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2657
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2658
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2658
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2659
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2659
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2660
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2660
caacagagtt acagtaccct gatcagt 27

<210> 2661
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2661
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2662
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2662
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2663
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2663
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2664
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2664
ggaacattcg aaagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2665
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2665
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2666
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2666
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2667
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2667
ggaacatggg atagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2668
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2668
ggaacattcg aaagcagcct gagtgctgtg gta 33

<210> 2669
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2669
caacagagtt acagtaccct gctcagt 27

<210> 2670
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2670
ggctactata tgcat 15

<210> 2671
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2671
aactttggca tgcac 15

<210> 2672
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2672

tactttggca tgcac 15

<210> 2673
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2673
agctatggca tgcac 15

<210> 2674
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2674
ggctactata tccac 15

<210> 2675
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2675
ggctactata tccac 15

<210> 2676
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2676
ggctactata tacac 15

<210> 2677
<211> 15
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2677
ggctactata tacac 15

<210> 2678
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2678
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2679
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2679
aactatggca tgcac 15

<210> 2680
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2680
tactttggca tgcac 15

<210> 2681
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2681
agctatggca tgcac 15

<210> 2682
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2682
agttactact ggagc 15

<210> 2683
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2683
agttactact ggagc 15

<210> 2684
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2684
tactttggca tgcac 15

<210> 2685
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2685
tactttggca tgcac 15

<210> 2686
<211> 15

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2686
tactttggca tgcac 15

<210> 2687
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2687
tactttggca tgcac 15

<210> 2688
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2688
tactttggca tgcac 15

<210> 2689
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2689
tactttggca tgcac 15

<210> 2690
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2690
aactttggca tgcac 15

<210> 2691
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2691
aactttggca tgcac 15

<210> 2692
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2692
aactttggca tgcac 15

<210> 2693
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2693
aactttggca tgcac 15

<210> 2694
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2694
aactttggca tgcac 15

<210> 2695

<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2695
aactttggca tgcac 15

<210> 2696
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2696
aactttggca tgcac 15

<210> 2697
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2697
aactttggca tgcac 15

<210> 2698
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2698
aactttggca tgcac 15

<210> 2699
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2699
aactttggca tgcac 15

<210> 2700
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2700
aactttggca tgcac 15

<210> 2701
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2701
aactttggca tgcac 15

<210> 2702
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2702
aactttggca tgcac 15

<210> 2703
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2703
aactttggca tgcac 15

<210> 2704
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2704
aactttggca tgcac 15

<210> 2705
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2705
aactttggca tgcac 15

<210> 2706
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2706
aactttggca tgcac 15

<210> 2707
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2707
aactttggca tgcac 15

<210> 2708
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2708
aactttggca tgcac 15

<210> 2709
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2709
agctatggca tgcac 15

<210> 2710
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2710
agctatggca tgcac 15

<210> 2711
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2711
agctatggca tgcac 15

<210> 2712
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2712
agctatggca tgcac 15

<210> 2713
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2713
agctatggca tgcac 15

<210> 2714
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2714
agctatggca tgcac 15

<210> 2715
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2715
agctatggca tgcac 15

<210> 2716
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2716
agctatggca tgcac 15

<210> 2717
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2717
agctatggca tgcac 15

<210> 2718
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2718
tactttggca tgcac 15

<210> 2719
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2719
tactttggca tgcac 15

<210> 2720
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2720
tactttggca tgcac 15

<210> 2721
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2721
tactttggca tgcac 15

<210> 2722
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2722
tactttggca tgcac 15

<210> 2723
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2723
tactttggca tgcac 15

<210> 2724
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2724
tactttggca tgcac 15

<210> 2725
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2725
agctatggca tgcac 15

<210> 2726
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2726
agctatggca tgcac 15

<210> 2727
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2727
agctatggca tgcac 15

<210> 2728
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2728
agctatggca tgcac 15

<210> 2729
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2729
agctatggca tgcac 15

<210> 2730
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2730

agctatggca tgcac 15

<210> 2731
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2731
agctatggca tgcac 15

<210> 2732
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2732
agctatggca tgcac 15

<210> 2733
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2733
agctatggca tgcac 15

<210> 2734
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2734
agctatggca tgcac 15

<210> 2735
<211> 15
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2735
agctatggca tgcac 15

<210> 2736
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2736
agctatggca tgcac 15

<210> 2737
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2737
agctatggca tgcac 15

<210> 2738
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2738
agctatggca tgcac 15

<210> 2739
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2739
agctatggca tgcac 15

<210> 2740
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2740
aactatggca tgcac 15

<210> 2741
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2741
aactatggca tgcac 15

<210> 2742
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2742
aactatggca tgcac 15

<210> 2743
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2743
aactatggca tgcac 15

<210> 2744
<211> 15

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2744
aactatggca tgcac 15

<210> 2745
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2745
aactatggca tgcac 15

<210> 2746
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2746
aactatggca tgcac 15

<210> 2747
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2747
aactatggca tgcac 15

<210> 2748
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2748
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2749
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2749
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2750
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2750
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2751
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2751
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2752
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2752
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2753

<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2753
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2754
<211> 21
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2754
agtggtggtt actactggag c 21

<210> 2755
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2755
ggctactata tccac 15

<210> 2756
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2756
ggctactata tccac 15

<210> 2757
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2757
ggctactata tccac 15

<210> 2758
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2758
ggctactata tccac 15

<210> 2759
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2759
ggctactata tccac 15

<210> 2760
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2760
ggctactata tccac 15

<210> 2761
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2761
ggctactata tccac 15

<210> 2762
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2762
ggctactata tccac 15

<210> 2763
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2763
ggctactata tccac 15

<210> 2764
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2764
ggctactata tccac 15

<210> 2765
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2765
ggctactata tccac 15

<210> 2766
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2766
ggctactata tacac 15

<210> 2767
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2767
ggctactata tacac 15

<210> 2768
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2768
ggctactata tacac 15

<210> 2769
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2769
ggctactata tacac 15

<210> 2770
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2770
ggctactata tacac 15

<210> 2771
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2771
ggctactata tacac 15

<210> 2772
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2772
ggctactata tacac 15

<210> 2773
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2773
ggctactata tacac 15

<210> 2774
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2774
ggctactata tacac 15

<210> 2775
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2775
ggctactata tccac 15

<210> 2776
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2776
ggctactata tccac 15

<210> 2777
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2777
ggctactata tccac 15

<210> 2778
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2778
ggctactata tccac 15

<210> 2779
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2779
ggctactata tccac 15

<210> 2780
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2780
ggctactata tacac 15

<210> 2781
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2781
ggctactata tacac 15

<210> 2782
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2782
ggctactata tacac 15

<210> 2783
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2783
ggctactata tacac 15

<210> 2784
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2784
ggctactata tacac 15

<210> 2785
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2785
ggctactata tacac 15

<210> 2786
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2786
ggctactata tacac 15

<210> 2787
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2787
ggctactata tacac 15

<210> 2788
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2788

ggctactata tacac 15

<210> 2789
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2789
ggctactata tacac 15

<210> 2790
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2790
ggctactata tacac 15

<210> 2791
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2791
ggctactata tacac 15

<210> 2792
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2792
ggctactata tacac 15

<210> 2793
<211> 15
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2793
ggctactata tgcat 15

<210> 2794
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2794
ggctactata tgcat 15

<210> 2795
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2795
ggctactata tgcat 15

<210> 2796
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2796
ggctactata tgcat 15

<210> 2797
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2797
ggctactata tgcat 15

<210> 2798
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2798
ggctactata tgcat 15

<210> 2799
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2799
ggctactata tgcat 15

<210> 2800
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2800
ggctactata tgcat 15

<210> 2801
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2801
ggctactata tgcat 15

<210> 2802
<211> 15

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2802
ggctactata tgcat 15

<210> 2803
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2803
ggctactata tgcat 15

<210> 2804
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2804
ggctactata tgcat 15

<210> 2805
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2805
ggctactata tgcat 15

<210> 2806
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2806
ggctactata tgcat 15

<210> 2807
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2807
aactttggca tgcac 15

<210> 2808
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2808
tactttggca tgcac 15

<210> 2809
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2809
ggctactata tgcat 15

<210> 2810
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2810
agctatggca tacac 15

<210> 2811

<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2811
agttatgata tcaac 15

<210> 2812
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2812
agctatggca tacac 15

<210> 2813
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2813
agctatggca tacac 15

<210> 2814
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2814
agctatggca tacac 15

<210> 2815
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2815
agctatggca tacac 15

<210> 2816
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2816
agctatggca tacac 15

<210> 2817
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2817
agctatggca tacac 15

<210> 2818
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2818
agttatgata tcaac 15

<210> 2819
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2819
agttatgata tcaac 15

<210> 2820
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2820
agttatgata tcaac 15

<210> 2821
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2821
agttatgata tcaac 15

<210> 2822
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2822
agttatgata tcaac 15

<210> 2823
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2823
agttatgata tcaac 15

<210> 2824
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2824
agttatgata tcaac 15

<210> 2825
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2825
agttatgata tcaac 15

<210> 2826
<211> 15
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2826
agctatggca tacac 15

<210> 2827
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2827
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2828
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2828
gttatatggt atgatggaag taatgaaaac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2829
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2829
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2830
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2830
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2831
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2831
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2832
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2832
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2833
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2833
tggatcagcc ctaacagtgg tgacacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2834
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2834
tggataagcc ctaacaatgg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2835
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2835
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2836
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2836
gctatatggt ttgatggaag tgataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2837
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2837
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2838
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2838
gctatatggt atgatggaaa taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2839
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2839
cgtatctata ccagtgggag caccaactac aacccctccc tcaagagt 48

<210> 2840
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2840
cgtatctata ccagtgggag caccaactac aacccctccc tcaagagt 48

<210> 2841
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2841
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2842
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2842
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2843
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2843
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2844
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2844
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2845
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2845
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2846
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2846

gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2847
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2847
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2848
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2848
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2849
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2849
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2850
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2850
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2851
<211> 51
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2851
gttatatggt atgatggaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2852
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2852
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2853
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2853
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2854
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2854
gttatatggt atgatggaag taatgaaaac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2855
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2855
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2856
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2856
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2857
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2857
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2858
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2858
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2859
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2859
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2860
<211> 51

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2860
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2861
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2861
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2862
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2862
gttatatggt atgatggaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2863
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2863
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2864
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2864
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2865
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2865
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2866
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2866
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2867
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2867
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2868
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2868
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2869

<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2869
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2870
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2870
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2871
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2871
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2872
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2872
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2873
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2873
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2874
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2874
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2875
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2875
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2876
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2876
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2877
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2877
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2878
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2878
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2879
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2879
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2880
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2880
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2881
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2881
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2882
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2882
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2883
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2883
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2884
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2884
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2885
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2885
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2886
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2886
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2887
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2887
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2888
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2888
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2889
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2889
gctatatggt atgatggaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2890
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2890
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2891
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2891
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2892
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2892
gctatatggt atgatgcaaa taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2893
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2893
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgaagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2894
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2894
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgaagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2895
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2895
gttatatggt atgatggaag taataaatac tatgaagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2896
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2896
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgaagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2897
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2897
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2898
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2898
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2899
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2899
gctatatggt ttgatggaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2900
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2900
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2901
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2901
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2902
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2902
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2903
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2903
gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2904
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2904

gctatatggt ttgatgcaag tgataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2905
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2905
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2906
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2906
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2907
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2907
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2908
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2908
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2909
<211> 48
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2909
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2910
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2910
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2911
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2911
tacatctatt acagtgggag cacctactac aacccgtccc tcaagagt 48

<210> 2912
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2912
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2913
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2913
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2914
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2914
tggatcaacc ctgacgctgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2915
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2915
tggatcaacc ctgacgctgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2916
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2916
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2917
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2917
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2918
<211> 51

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2918
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2919
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2919
tggatcaacc ctgacgctgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2920
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2920
tggatcaacc ctgacgctgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2921
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2921
tggatcaacc ctgacgctgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2922
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2922
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2923
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2923
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2924
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2924
tggatcagcc ctaacagtgg tgacacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2925
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2925
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2926
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2926
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2927

<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2927
tggatcagcc ctaacagtgg tgacacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2928
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2928
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2929
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2929
tggatcagcc ctaacagtgg tgacacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2930
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2930
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2931
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2931
tggatcagcc ctaacagtgg tgaaacaagc tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2932
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2932
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2933
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2933
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2934
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2934
tggatcaacc ctgacagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2935
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2935
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2936
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2936
tggatcaacc ctgaaagtgg tggcacagac tattcacaga ggtttcaggg c 51

<210> 2937
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2937
tggataagcc ctaaccaagg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2938
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2938
tggataagcc ctaaccaagg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2939
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2939
tggataagcc ctaaccaagg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2940
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2940
tggataagcc ctaacaatgg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2941
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2941
tggataagcc ctaacaatgg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2942
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2942
tggataagcc ctaaccaagg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2943
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2943
tggataagcc ctaacaatgg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2944
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2944
tggataagcc ctaaccaagg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2945
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2945
tggataagcc ctaacaatgg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2946
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2946
tggataagcc ctaaccaagg tgacacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2947
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2947
tggataagcc ctaacaatgg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2948
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2948
tggataagcc ctaaccaagg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2949
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2949
tggataagcc ctaaccaagg tgaaacaaac tatgcacaga agtttcagga c 51

<210> 2950
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2950
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2951
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2951
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2952
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2952
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2953
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2953
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2954
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2954
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2955
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2955
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2956
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2956
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2957
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2957
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2958
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2958
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2959
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2959
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2960
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2960
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2961
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2961
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2962
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2962

tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2963
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2963
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2964
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2964
gttatatggt atgatgcaag taatgaaaac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2965
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2965
gttatatggt atgatgcaag taataaatac tatgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2966
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2966
tggatcaacc ctaacagtgg tggcacaaac tatgcacaga agtttcaggg c 51

<210> 2967
<211> 51
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2967
gttatatggt atgatggaag taataagttc catgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2968
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2968
tggatgaacc ctaacagtgg taacacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2969
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2969
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2970
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2970
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2971
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2971
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2972
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2972
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2973
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2973
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagact ccgtgaaggg c 51

<210> 2974
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2974
gttatatggt atgatggaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2975
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2975
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2976
<211> 51

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2976
tggatgaacc ctaacagtgg taacacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2977
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2977
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2978
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2978
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2979
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2979
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2980
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2980
tggatgaacc ctaacagtgg taacacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2981
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2981
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2982
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2982
tggatgaacc ctaacagtgg tggcacaggc tatgcacaga agttccaggg c 51

<210> 2983
<211> 51
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2983
gttatatggt atgatgcaag taataagttc catgcagacg ccgtgaaggg c 51

<210> 2984
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2984
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 2985

<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2985
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 2986
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2986
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 2987
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2987
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 2988
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2988
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 2989
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2989
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 2990
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2990
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 2991
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2991
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 2992
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2992
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 2993
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2993
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 2994
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2994
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 2995
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2995
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 2996
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2996
gatgtagcag tggctggctt tgactac 27

<210> 2997
<211> 27
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2997
gatgtagcag tggctggctt tgactac 27

<210> 2998
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2998
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 2999
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 2999
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3000
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3000
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3001
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3001
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3002
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3002
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3003
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3003
gataggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3004
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3004
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3005
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3005
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3006
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3006
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3007
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3007
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3008
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3008
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3009
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3009
gataggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3010
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3010
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3011
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3011
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3012
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3012
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3013
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3013
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3014
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3014
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3015
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3015
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3016
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3016
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3017
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3017
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3018
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3018
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3019
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3019
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3020
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3020

gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3021
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3021
gataggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3022
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3022
gatgggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3023
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3023
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3024
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3024
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3025
<211> 33
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3025
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3026
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3026
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3027
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3027
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3028
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3028
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3029
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3029
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3030
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3030
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3031
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3031
gataggacga tttttggagt ggttcttgac tac 33

<210> 3032
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3032
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3033
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3033
gataggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3034
<211> 36

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3034
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3035
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3035
gataggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3036
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3036
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3037
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3037
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3038
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3038
gatgggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3039
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3039
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3040
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3040
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3041
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3041
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3042
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3042
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3043

<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3043
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3044
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3044
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3045
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3045
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3046
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3046
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3047
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3047
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3048
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3048
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3049
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3049
gatcggacga tttttggagt ggtccttgag tac 33

<210> 3050
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3050
gggattacga tttttggtca tgggtttgaa tat 33

<210> 3051
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3051
gggattacga tttttggtca tgggtttgaa tat 33

<210> 3052
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3052
gggattacga tttttggtca tgggtttgaa tat 33

<210> 3053
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3053
gggattacga tttttggtca tgggtttgaa tat 33

<210> 3054
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3054
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3055
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3055
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3056
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3056
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3057
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3057
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3058
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3058
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3059
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3059
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3060
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3060
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3061
<211> 33
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3061
gatcaggcga tttttggagt ggtccccgac tac 33

<210> 3062
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3062
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3063
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3063
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3064
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3064
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3065
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3065
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3066
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3066
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3067
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3067
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3068
<211> 48
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3068
gatcgtatta cgatttttgg agtggttatg gggggcggta tggacgtc 48

<210> 3069
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3069
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3070
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3070
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3071
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3071
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3072
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3072
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3073
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3073
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3074
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3074
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3075
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3075
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3076
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3076
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3077
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3077
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3078
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3078

gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3079
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3079
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3080
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3080
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3081
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3081
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3082
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3082
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3083
<211> 42
<212>ADN

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3083
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3084
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3084
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3085
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3085
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3086
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3086
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3087
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3087
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3088
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3088
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3089
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3089
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3090
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3090
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3091
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3091
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3092
<211> 42

<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3092
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3093
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3093
gaggccacga tttttggaat ggttattgta ccgtttgact ac 42

<210> 3094
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3094
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3095
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3095
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3096
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3096
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3097
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3097
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3098
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3098
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3099
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3099
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3100
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3100
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3101

<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3101
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3102
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3102
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3103
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3103
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3104
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3104
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3105
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3105
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3106
<211> 42
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3106
gaggccacga tttttggaat gcttattgta ccatttgact ac 42

<210> 3107
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3107
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3108
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3108
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3109
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3109
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3110
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3110
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3111
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3111
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3112
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3112
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3113
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3113
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3114
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>

<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3114
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3115
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3115
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3116
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3116
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3117
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3117
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3118
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3118
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3119
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3119
gggggggatt acgttttcgg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3120
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3120
gggggggatt acgttttcgg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3121
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3121
gataggacga tctttggagt ggtcttgggg gactac 36

<210> 3122
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3122
gataggacga tttttggagt gctcttgggg gactac 36

<210> 3123
<211> 57
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3123
gggggggatt acgtttgggg gacttatcgg cctcactact actacggtat ggacgtc 57

<210> 3124
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3124
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3125
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3125
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3126
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3126
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3127
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3127
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3128
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3128
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3129
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3129
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3130
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3130
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3131
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3131
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3132
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3132
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3133
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3133
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3134
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3134
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3135
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3135
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3136
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3136

gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3137
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3137
gggggtgatt acgtttgggg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3138
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3138
gggggtgatt acgttttcgg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3139
<211> 60
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3139
gggggtgatt acgttttcgg gagttatcgt ccctactact actactacgg tatggacgtc 60

<210> 3140
<211> 36
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Oligonucleotit tổng hợp

<400> 3140
ggaaaagtgg ctggtatgcc tgaagctttt gaaatc 36

<210> 3141
<211> 466
<212> PRT

<213>Người hiện đại

<400> 3141

```
Met Thr Thr Ser Pro Ile Leu Gln Leu Leu Leu Arg Leu Ser Leu Cys
1               5                  10                  15
Gly Leu Leu Leu Gln Arg Ala Glu Thr Gly Ser Lys Gly Gln Thr Ala
            20                  25                  30
Gly Glu Leu Tyr Gln Arg Trp Glu Arg Tyr Arg Arg Glu Cys Gln Glu
        35                  40                  45
Thr Leu Ala Ala Ala Glu Pro Pro Ser Gly Leu Ala Cys Asn Gly Ser
    50                  55                  60
Phe Asp Met Tyr Val Cys Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Asn Ala Thr Ala
65                  70                  75                  80
Arg Ala Ser Cys Pro Trp Tyr Leu Pro Trp His His His Val Ala Ala
                85                  90                  95
Gly Phe Val Leu Arg Gln Cys Gly Ser Asp Gly Gln Trp Gly Leu Trp
            100                 105                 110
Arg Asp His Thr Gln Cys Glu Asn Pro Glu Lys Asn Glu Ala Phe Leu
        115                 120                 125
Asp Gln Arg Leu Ile Leu Glu Arg Leu Gln Val Met Tyr Thr Val Gly
    130                 135                 140
Tyr Ser Leu Ser Leu Ala Thr Leu Leu Leu Ala Leu Leu Ile Leu Ser
145                 150                 155                 160
Leu Phe Arg Arg Leu His Cys Thr Arg Asn Tyr Ile His Ile Asn Leu
                165                 170                 175
Phe Thr Ser Phe Met Leu Arg Ala Ala Ala Ile Leu Ser Arg Asp Arg
            180                 185                 190
Leu Leu Pro Arg Pro Gly Pro Tyr Leu Gly Asp Gln Ala Leu Ala Leu
        195                 200                 205
Trp Asn Gln Ala Leu Ala Ala Cys Arg Thr Ala Gln Ile Val Thr Gln
    210                 215                 220
Tyr Cys Val Gly Ala Asn Tyr Thr Trp Leu Leu Val Glu Gly Val Tyr
225                 230                 235                 240
Leu His Ser Leu Leu Val Leu Val Gly Gly Ser Glu Glu Gly His Phe
                245                 250                 255
Arg Tyr Tyr Leu Leu Leu Gly Trp Gly Ala Pro Ala Leu Phe Val Ile
            260                 265                 270
Pro Trp Val Ile Val Arg Tyr Leu Tyr Glu Asn Thr Gln Cys Trp Glu
        275                 280                 285
Arg Asn Glu Val Lys Ala Ile Trp Trp Ile Ile Arg Thr Pro Ile Leu
    290                 295                 300
Met Thr Ile Leu Ile Asn Phe Leu Ile Phe Ile Arg Ile Leu Gly Ile
305                 310                 315                 320
Leu Leu Ser Lys Leu Arg Thr Arg Gln Met Arg Cys Arg Asp Tyr Arg
                325                 330                 335
Leu Arg Leu Ala Arg Ser Thr Leu Thr Leu Val Pro Leu Leu Gly Val
            340                 345                 350
His Glu Val Val Phe Ala Pro Val Thr Glu Glu Gln Ala Arg Gly Ala
        355                 360                 365
Leu Arg Phe Ala Lys Leu Gly Phe Glu Ile Phe Leu Ser Ser Phe Gln
    370                 375                 380
Gly Phe Leu Val Ser Val Leu Tyr Cys Phe Ile Asn Lys Glu Val Gln
385                 390                 395                 400
Ser Glu Ile Arg Arg Gly Trp His His Cys Arg Leu Arg Arg Ser Leu
                405                 410                 415
Gly Glu Glu Gln Arg Gln Leu Pro Glu Arg Ala Phe Arg Ala Leu Pro
            420                 425                 430
Ser Gly Ser Gly Pro Gly Glu Val Pro Thr Ser Arg Gly Leu Ser Ser
```

```
        435                 440                 445
Gly Thr Leu Pro Gly Pro Gly Asn Glu Ala Ser Arg Glu Leu Glu Ser
    450                 455                 460
Tyr Cys
465
```

<210> 3142
<211> 2024
<212>ADN
<213>Người hiện đại

<400> 3142

```
ggcagcggtg gcaggggctg caggagcaag tgaccaggag caggactggg gacaggcctg      60
atcgcccctg cacgaaccag acccttcgcc gccctcacga tgactacctc tccgatcctg     120
cagctgctgc tgcggctctc actgtgcggg ctgctgctcc agagggcgga gacaggctct     180
aaggggcaga cggcggggga gctgtaccag cgctgggaac ggtaccgcag ggagtgccag     240
gagaccttgg cagccgcgga accgccttca ggcctcgcct gtaacgggtc cttcgatatg     300
tacgtctgct gggactatgc tgcacccaat gccactgccc gtgcgtcctg cccctggtac     360
ctgccctggc accaccatgt ggctgcaggt ttcgtcctcc gccagtgtgg cagtgatggc     420
caatggggac tttggagaga ccatacacaa tgtgagaacc cagagaagaa tgaggccttt     480
ctggaccaaa ggctcatctt ggagcggttg caggtcatgt acactgtcgg ctactccctg     540
tctctcgcca cactgctgct agccctgctc atcttgagtt tgttcaggcg gctacattgc     600
actagaaact atatccacat caacctgttc acgtctttca tgctgcgagc tgcggccatt     660
ctcagccgag accgtctgct acctcgacct ggcccctacc ttggggacca ggcccttgcg     720
ctgtggaacc aggccctcgc tgcctgccgc acggcccaga tcgtgaccca gtactgcgtg     780
ggtgccaact acacgtggct gctggtggag ggcgtctacc tgcacagtct cctggtgctc     840
gtgggaggct ccgaggaggg ccacttccgc tactacctgc tcctcggctg gggggccccc     900
gcgcttttcg tcattccctg ggtgatcgtc aggtacctgt acgagaacac gcagtgctgg     960
gagcgcaacg aagtcaaggc catttggtgg attatacgga cccccatcct catgaccatc    1020
ttgattaatt tcctcatttt tatccgcatt cttggcattc tcctgtccaa gctgaggaca    1080
cggcaaatgc gctgccggga ttaccggctg aggctggctc gctccacgct gacgctggtg    1140
cccctgctgg gtgtccacga ggtggtgttt gctcccgtga cagaggaaca ggcccggggc    1200
gccctgcgct tcgccaagct cggctttgag atcttcctca gctccttcca gggcttcctg    1260
gtcagcgtcc tctactgctt catcaacaag gaggtgcagt cggagatccg ccgtggctgg    1320
caccactgcc gcctgcgccg cagcctgggc gaggagcaac gccagctccc ggagcgcgcc    1380
ttccgggccc tgccctccgg ctccggcccg ggcgaggtcc ccaccagccg cggcttgtcc    1440
tcggggaccc tcccagggcc tgggaatgag gccagccggg agttggaaag ttactgctag    1500
ggggcgggat ccccgtgtct gttcagttag catggattta ttgagtgcca actgcgtgcc    1560
aggcccagta cggaggacgc tggggaaatg gtgaaggaaa cagaaaaaag gtccctgccc    1620
ttctggagat gacaactgag tggggaaaac agaccgtgaa cacaaaacat caagttccac    1680
acacgctatg gaatggttat gaagggaagc gagaaggggg cctagggtgg tctgggaggc    1740
gtctccaagg aggtgacact taagccatcc ccgaaagagg tgaaagagat cactttgggg    1800
agagctggag aacaggattc taggcggaag cgatagcata ggcaaaggcc cttgggcagg    1860
aaggcgctca gccttggctg gagtagaatt aagtcagagc caacaggtgg ggagagacag    1920
agaagtgggc aggggcaccc aagttgggat ttcatttcag gtgcattgga gattcttagg    1980
agtgtctctt gggggtaata ttttatttt taaaaaatga ggat                      2024
```

<210> 3143
<211> 430
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3143

```
Met Thr Thr Ser Pro Ile Leu Gln Leu Leu Leu Arg Leu Ser Leu Cys
1               5                  10                  15
Gly Leu Leu Leu Gln Arg Ala Glu Thr Gly Ser Lys Gly Gln Thr Ala
            20                  25                  30
```

```
Gly Glu Leu Tyr Gln Arg Trp Glu Arg Tyr Arg Arg Glu Cys Gln Glu
        35                  40                  45
Thr Leu Ala Ala Ala Glu Pro Pro Ser Val Ala Ala Gly Phe Val Leu
    50                  55                  60
Arg Gln Cys Gly Ser Asp Gly Gln Trp Gly Leu Trp Arg Asp His Thr
65                  70                  75                  80
Gln Cys Glu Asn Pro Glu Lys Asn Glu Ala Phe Leu Asp Gln Arg Leu
                85                  90                  95
Ile Leu Glu Arg Leu Gln Val Met Tyr Thr Val Gly Tyr Ser Leu Ser
            100                 105                 110
Leu Ala Thr Leu Leu Leu Ala Leu Leu Ile Leu Ser Leu Phe Arg Arg
        115                 120                 125
Leu His Cys Thr Arg Asn Tyr Ile His Ile Asn Leu Phe Thr Ser Phe
    130                 135                 140
Met Leu Arg Ala Ala Ala Ile Leu Ser Arg Asp Arg Leu Leu Pro Arg
145                 150                 155                 160
Pro Gly Pro Tyr Leu Gly Asp Gln Ala Leu Ala Leu Trp Asn Gln Ala
                165                 170                 175
Leu Ala Ala Cys Arg Thr Ala Gln Ile Val Thr Gln Tyr Cys Val Gly
            180                 185                 190
Ala Asn Tyr Thr Trp Leu Leu Val Glu Gly Val Tyr Leu His Ser Leu
        195                 200                 205
Leu Val Leu Val Gly Gly Ser Glu Glu Gly His Phe Arg Tyr Tyr Leu
    210                 215                 220
Leu Leu Gly Trp Gly Ala Pro Ala Leu Phe Val Ile Pro Trp Val Ile
225                 230                 235                 240
Val Arg Tyr Leu Tyr Glu Asn Thr Gln Cys Trp Glu Arg Asn Glu Val
                245                 250                 255
Lys Ala Ile Trp Trp Ile Ile Arg Thr Pro Ile Leu Met Thr Ile Leu
            260                 265                 270
Ile Asn Phe Leu Ile Phe Ile Arg Ile Leu Gly Ile Leu Leu Ser Lys
        275                 280                 285
Leu Arg Thr Arg Gln Met Arg Cys Arg Asp Tyr Arg Leu Arg Leu Ala
    290                 295                 300
Arg Ser Thr Leu Thr Leu Val Pro Leu Leu Gly Val His Glu Val Val
305                 310                 315                 320
Phe Ala Pro Val Thr Glu Glu Gln Ala Arg Gly Ala Leu Arg Phe Ala
                325                 330                 335
Lys Leu Gly Phe Glu Ile Phe Leu Ser Ser Phe Gln Gly Phe Leu Val
            340                 345                 350
Ser Val Leu Tyr Cys Phe Ile Asn Lys Glu Val Gln Ser Glu Ile Arg
        355                 360                 365
Arg Gly Trp His His Cys Arg Leu Arg Arg Ser Leu Gly Glu Glu Gln
    370                 375                 380
Arg Gln Leu Pro Glu Arg Ala Phe Arg Ala Leu Pro Ser Gly Ser Gly
385                 390                 395                 400
Pro Gly Glu Val Pro Thr Ser Arg Gly Leu Ser Ser Gly Thr Leu Pro
                405                 410                 415
Gly Pro Gly Asn Glu Ala Ser Arg Glu Leu Glu Ser Tyr Cys
            420                 425                 430
```

<210> 3144
<211> 1290
<212>ADN
<213>Người hiện đại

<400> 3144

```
atgaccacca gcccgattct gcagctgctg ctgcgcctga gcctgtgcgg cctgctgctg      60
cagcgcgcgg aaaccggcag caaaggccag accgcgggcg aactgtatca gcgctgggaa     120
cgctatcgcc gcgaatgcca ggaaaccctg gcggcggcgg aaccgccgag cgtggcggcg     180
ggctttgtgc tgcgccagtg cggcagcgat ggccagtggg gcctgtggcg cgatcatacc     240
cagtgcgaaa acccggaaaa aaacgaagcg tttctggatc agcgcctgat tctggaacgc     300
ctgcaggtga tgtataccgt gggctatagc ctgagcctgg cgaccctgct gctggcgctg     360
ctgattctga gcctgtttcg ccgcctgcat tgcacccgca actatattca tattaacctg     420
tttaccagct ttatgctgcg cgcggcggcg attctgagcc gcgatcgcct gctgccgcgc     480
ccgggcccgt atctgggcga tcaggcgctg gcgctgtgga accaggcgct ggcggcgtgc     540
cgcaccgcgc agattgtgac ccagtattgc gtgggcgcga actatacctg gctgctggtg     600
gaaggcgtgt atctgcatag cctgctggtg ctggtgggcg gcagcgaaga aggccatttt     660
cgctattatc tgctgctggg ctggggcgcg ccggcgctgt ttgtgattcc gtgggtgatt     720
gtgcgctatc tgtatgaaaa cacccagtgc tgggaacgca acgaagtgaa agcgatttgg     780
tggattattc gcaccccgat tctgatgacc attctgatta actttctgat ttttattcgc     840
attctgggca ttctgctgag caaactgcgc acccgccaga tgcgctgccg cgattatcgc     900
ctgcgcctgg cgcgcagcac cctgaccctg gtgccgctgc tgggcgtgca tgaagtggtg     960
tttgcgccgg tgaccgaaga acaggcgcgc ggcgcgctgc gctttgcgaa actgggcttt    1020
gaaatttttc tgagcagctt tcagggcttt ctggtgagcg tgctgtattg ctttattaac    1080
aaagaagtgc agagcgaaat tcgccgcggc tggcatcatt gccgcctgcg ccgcagcctg    1140
ggcgaagaac agcgccagct gccggaacgc gcgtttcgcg cgctgccgag cggcagcggc    1200
ccgggcgaag tgccgaccag ccgcggcctg agcagcggca ccctgccggg cccgggcaac    1260
gaagcgagcc gcgaactgga aagctattgc                                     1290
```

<210> 3145
<211> 493
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3145

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

```
Leu Leu Pro Arg Pro Gly Pro Tyr Leu Gly Asp Gln Ala Leu Ala Leu
        195                 200                 205
Trp Asn Gln Ala Leu Ala Ala Cys Arg Thr Ala Gln Ile Val Thr Gln
    210                 215                 220
Tyr Cys Val Gly Ala Asn Tyr Thr Trp Leu Leu Val Glu Gly Val Tyr
225                 230                 235                 240
Leu His Ser Leu Leu Val Leu Val Gly Gly Ser Glu Glu Gly His Phe
                245                 250                 255
Arg Tyr Tyr Leu Leu Leu Gly Trp Gly Ala Pro Ala Leu Phe Val Ile
            260                 265                 270
Pro Trp Val Ile Val Arg Tyr Leu Tyr Glu Asn Thr Gln Cys Trp Glu
        275                 280                 285
Arg Asn Glu Val Lys Ala Ile Trp Trp Ile Ile Arg Thr Pro Ile Leu
    290                 295                 300
Met Thr Ile Leu Ile Asn Phe Leu Ile Phe Ile Arg Ile Leu Gly Ile
305                 310                 315                 320
Leu Leu Ser Lys Leu Arg Thr Arg Gln Met Arg Cys Arg Asp Tyr Arg
                325                 330                 335
Leu Arg Leu Ala Arg Ser Thr Leu Thr Leu Val Pro Leu Leu Gly Val
            340                 345                 350
His Glu Val Val Phe Ala Pro Val Thr Glu Glu Gln Ala Arg Gly Ala
        355                 360                 365
Leu Arg Phe Ala Lys Leu Gly Phe Glu Ile Phe Leu Ser Ser Phe Gln
    370                 375                 380
Gly Phe Leu Val Ser Val Leu Tyr Cys Phe Ile Asn Lys Glu Val Gly
385                 390                 395                 400
Arg Asp Pro Ala Ala Ala Pro Ala Leu Trp Arg Arg Arg Gly Thr Ala
                405                 410                 415
Pro Pro Leu Ser Ala Ile Val Ser Gln Val Gln Ser Glu Ile Arg Arg
            420                 425                 430
Gly Trp His His Cys Arg Leu Arg Arg Ser Leu Gly Glu Glu Gln Arg
        435                 440                 445
Gln Leu Pro Glu Arg Ala Phe Arg Ala Leu Pro Ser Gly Ser Gly Pro
    450                 455                 460
Gly Glu Val Pro Thr Ser Arg Gly Leu Ser Ser Gly Thr Leu Pro Gly
465                 470                 475                 480
Pro Gly Asn Glu Ala Ser Arg Glu Leu Glu Ser Tyr Cys
                485                 490
```

<210> 3146
<211> 1482
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 3146

```
atgaccacca gcccgattct gcagctgctg ctgcgcctga gcctgtgcgg cctgctgctg      60
cagcgcgcgg aaaccggcag caaaggccag accgcgggcg aactgtatca gcgctgggaa     120
cgctatcgcc gcgaatgcca ggaaaccctg gcggcggcgg aaccgccgag cggcctggcg     180
tgcaacggca gctttgatat gtatgtgtgc tgggattatg cggcgccgaa cgcgaccgcg     240
cgcgcgagct gcccgtggta tctgccgtgg catcatcatg tggcggcggg ctttgtgctg     300
cgccagtgcg gcagcgatgg ccagtggggc ctgtggcgcg atcataccca gtgcgaaaac     360
ccggaaaaaa acgaagcgtt tctggatcag cgcctgattc tggaacgcct gcaggtgatg     420
tataccgtgg gctatagcct gagcctggcg accctgctgc tggcgctgct gattctgagc     480
```

```
ctgtttcgcc gcctgcattg cacccgcaac tatattcata ttaacctgtt taccagcttt      540
atgctgcgcg cggcggcgat tctgagccgc gatcgcctgc tgccgcgccc gggcccgtat      600
ctgggcgatc aggcgctggc gctgtggaac caggcgctgg cggcgtgccg caccgcgcag      660
attgtgaccc agtattgcgt gggcgcgaac tatacctggc tgctggtgga aggcgtgtat      720
ctgcatagcc tgctggtgct ggtgggcggc agcgaagaag gccattttcg ctattatctg      780
ctgctgggct ggggcgcgcc ggcgctgttt gtgattccgt gggtgattgt gcgctatctg      840
tatgaaaaca cccagtgctg ggaacgcaac gaagtgaaag cgatttggtg gattattcgc      900
accccgattc tgatgaccat tctgattaac tttctgattt ttattcgcat tctgggcatt      960
ctgctgagca aactgcgcac ccgccagatg cgctgccgcg attatcgcct gcgcctggcg     1020
cgcagcaccc tgaccctggt gccgctgctg ggcgtgcatg aagtggtgtt tgcgccggtg     1080
accgaagaac aggcgcgcgg cgcgctgcgc tttgcgaaac tgggctttga aatttttctg     1140
agcagctttc agggctttct ggtgagcgtg ctgtattgct ttattaacaa agaagtgggc     1200
cgcgatccgg cggcggcgcc ggcgctgtgg cgccgccgcg gcaccgcgcc gccgctgagc     1260
gcgattgtga gccaggtgca gagcgaaatt cgccgcggct ggcatcattg ccgcctgcgc     1320
cgcagcctgg gcgaagaaca gcgccagctg ccggaacgcg cgtttcgcgc gctgccgagc     1380
ggcagcggcc cgggcgaagt gccgaccagc cgcggcctga gcagcggcac cctgccgggc     1440
ccgggcaacg aagcgagccg cgaactggaa agctattgct aa                        1482
```

<210> 3147
<211> 460
<212> PRT
<213> Mus musculus

<400> 3147

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

```
            260                 265                 270
Val Arg Tyr Leu Arg Glu Asn Thr Gln Cys Trp Glu Arg Asn Glu Val
        275                 280                 285
Lys Ala Ile Trp Trp Ile Ile Arg Thr Pro Ile Leu Ile Thr Ile Leu
    290                 295                 300
Ile Asn Phe Leu Ile Phe Ile Arg Ile Leu Gly Ile Leu Val Ser Lys
305                 310                 315                 320
Leu Arg Thr Arg Gln Met Arg Cys Pro Asp Tyr Arg Leu Arg Leu Ala
                325                 330                 335
Arg Ser Thr Leu Thr Leu Val Pro Leu Leu Gly Val His Glu Val Val
            340                 345                 350
Phe Ala Pro Val Thr Glu Glu Gln Val Glu Gly Ser Leu Arg Phe Ala
        355                 360                 365
Lys Leu Ala Phe Glu Ile Phe Leu Ser Ser Phe Gln Gly Phe Leu Val
    370                 375                 380
Ser Val Leu Tyr Cys Phe Ile Asn Lys Glu Val Gln Ser Glu Ile Arg
385                 390                 395                 400
Gln Gly Trp Arg His Arg Arg Leu Arg Leu Ser Leu Gln Glu Gln Arg
                405                 410                 415
Pro Arg Pro His Gln Glu Leu Ala Pro Arg Ala Val Pro Leu Ser Ser
            420                 425                 430
Ala Cys Arg Glu Ala Ala Val Gly Asn Ala Leu Pro Ser Gly Met Leu
        435                 440                 445
His Val Pro Gly Asp Glu Val Leu Glu Ser Tyr Cys
    450                 455                 460
```

<210> 3148
<211> 1383
<212>ADN
<213> Mus musculus

<400> 3148

```
atgccgctgc gcctgctgct gctgctgctg tggctgtggg gcctgcagtg ggcggaaacc      60
gatagcgaag gccagaccac caccggcgaa ctgtatcagc gctgggaaca ttatggccag     120
gaatgccaga aaatgctgga aaccaccgaa ccgccgagcg gcctggcgtg caacggcagc     180
tttgatatgt atgcgtgctg gaactatacc gcggcgaaca ccaccgcgcg cgtgagctgc     240
ccgtggtatc tgccgtggtt tcgccaggtg agcgcgggct ttgtgtttcg ccagtgcggc     300
agcgatggcc agtggggcag ctggcgcgat catacccagt gcgaaaaccc ggaaaaaaac     360
ggcgcgtttc aggatcagac cctgattctg gaacgcctgc agattatgta taccgtgggc     420
tatagcctga gcctgaccac cctgctgctg gcgctgctga ttctgagcct gtttcgccgc     480
ctgcattgca cccgcaacta tattcatatg aacctgttta ccagctttat gctgcgcgcg     540
gcggcgattc tgacccgcga tcagctgctg ccgccgctgg gcccgtatac cggcgatcag     600
gcgccgaccc cgtggaacca ggcgctggcg gcgtgccgca ccgcgcagat tatgacccag     660
tattgcgtgg gcgcgaacta tacctggctg ctggtggaag gcgtgtatct gcatcatctg     720
ctggtgattg tgggccgcag cgaaaaaggc cattttcgct gctatctgct gctgggctgg     780
ggcgcgccgg cgctgtttgt gattccgtgg gtgattgtgc gctatctgcg cgaaaacacc     840
cagtgctggg aacgcaacga agtgaaagcg atttggtgga ttattcgcac cccgattctg     900
attaccattc tgattaactt tctgattttt attcgcattc tgggcattct ggtgagcaaa     960
ctgcgcaccc gccagatgcg ctgcccggat tatcgcctgc gcctggcgcg cagcaccctg    1020
accctggtgc cgctgctggg cgtgcatgaa gtggtgtttg cgccggtgac cgaagaacag    1080
gtggaaggca gcctgcgctt tgcgaaactg gcgtttgaaa tttttctgag cagctttcag    1140
ggctttctgg tgagcgtgct gtattgcttt attaacaaag aagtgcagag cgaaattcgc    1200
cagggctggc gccatcgccg cctgcgcctg agcctgcagg aacagcgccc gcgcccgcat    1260
caggaactgg cgccgcgcgc ggtgccgctg agcagcgcgt gccgcgaagc ggcggtgggc    1320
aacgcgctgc cgagcggcat gctgcatgtg ccgggcgatg aagtgctgga aagctattgc    1380
taa                                                                 1383
```

<210> 3149
<211> 230
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3149
Met Pro Leu Arg Leu Leu Leu Leu Leu Leu Trp Leu Trp Gly Leu Gln
1 5 10 15
Trp Ala Glu Thr Asp Ser Glu Gly Gln Thr Thr Thr Gly Glu Leu Tyr
20 25 30
Gln Arg Trp Glu His Tyr Gly Gln Glu Cys Gln Lys Met Leu Glu Thr
35 40 45
Thr Glu Pro Pro Ser Gly Leu Ala Cys Asn Gly Ser Phe Asp Met Tyr
50 55 60
Ala Cys Trp Asn Tyr Thr Ala Ala Asn Thr Thr Ala Arg Val Ser Cys
65 70 75 80
Pro Trp Tyr Leu Pro Trp Phe Arg Gln Val Ser Ala Gly Phe Val Phe
85 90 95
Arg Gln Cys Gly Ser Asp Gly Gln Trp Gly Ser Trp Arg Asp His Thr
100 105 110
Gln Cys Glu Asn Pro Glu Lys Asn Gly Ala Phe Gln Asp Gln Thr Leu
115 120 125
Ile Leu Glu Arg Leu Gln Ile Met Tyr Thr Val Gly Tyr Ser Leu Ser
130 135 140
Leu Thr Thr Leu Leu Leu Ala Leu Leu Ile Leu Ser Leu Phe Arg Arg
145 150 155 160
Leu His Cys Thr Arg Asn Tyr Ile His Met Asn Leu Phe Thr Ser Phe
165 170 175
Met Leu Arg Ala Ala Ala Ile Leu Thr Arg Asp Gln Leu Leu Pro Pro
180 185 190
Leu Gly Pro Tyr Thr Gly Asp Gln Ala Pro Thr Pro Trp Asn Gln Val
195 200 205
Leu His Arg Leu Leu Pro Gly Gly Thr Lys Thr Phe Pro Ile Tyr Phe
210 215 220
Arg Thr Phe Pro His His
225 230

<210> 3150
<211> 693
<212>ADN
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polynucleotit tổng hợp

<400> 3150
atgccgctgc gcctgctgct gctgctgctg tggctgtggg gcctgcagtg ggcggaaacc 60
gatagcgaag gccagaccac caccggcgaa ctgtatcagc gctgggaaca ttatggccag 120
gaatgccaga aaatgctgga aaccaccgaa ccgccgagcg gcctggcgtg caacggcagc 180
tttgatatgt atgcgtgctg gaactatacc gcggcgaaca ccaccgcgcg cgtgagctgc 240
ccgtggtatc tgccgtggtt tcgccaggtg agcgcgggct ttgtgtttcg ccagtgcggc 300

agcgatggcc agtggggcag ctggcgcgat catacccagt gcgaaaaccc ggaaaaaaac 360
ggcgcgtttc aggatcagac cctgattctg gaacgcctgc agattatgta taccgtgggc 420
tatagcctga gcctgaccac cctgctgctg gcgctgctga ttctgagcct gtttcgccgc 480
ctgcattgca cccgcaacta tattcatatg aacctgttta ccagctttat gctgcgcgcg 540
gcggcgattc tgacccgcga tcagctgctg ccgccgctgg gcccgtatac cggcgatcag 600
gcgccgaccc cgtggaacca ggtgctgcat cgcctgctgc cgggcggcac caaaaccttt 660
ccgatttatt ttcgcacctt tccgcatcat taa 693

<210> 3151
<211> 42
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3151
Tyr Ala Glu Gly Thr Phe Ile Ser Asp Tyr Ser Ile Ala Met Asp Lys
1 5 10 15
Ile His Gln Gln Asp Phe Val Asn Trp Leu Leu Ala Gln Lys Gly Lys
20 25 30
Lys Asn Asp Trp Lys His Asn Ile Thr Gln
35 40

<210> 3152
<211> 126
<212>ADN
<213>Người hiện đại

<400> 3152
tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcatcagcag 60
gattttgtga actggctgct ggcgcagaaa ggcaaaaaaa acgattggaa acataacatt 120
acccag 126

<210> 3153
<211> 42
<212> PRT
<213> Mus musculus

<400> 3153
Tyr Ala Glu Gly Thr Phe Ile Ser Asp Tyr Ser Ile Ala Met Asp Lys
1 5 10 15
Ile Arg Gln Gln Asp Phe Val Asn Trp Leu Leu Ala Gln Arg Gly Lys
20 25 30
Lys Ser Asp Trp Lys His Asn Ile Thr Gln
35 40

<210> 3154
<211> 126
<212>ADN
<213> Mus musculus

<400> 3154
tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcgccagcag 60
gattttgtga actggctgct ggcgcagcgc ggcaaaaaaa gcgattggaa acataacatt 120
acccag 126

<210> 3155
<211> 42
<212> PRT
<213> Rattus sp.

<400> 3155
Tyr Ala Glu Gly Thr Phe Ile Ser Asp Tyr Ser Ile Ala Met Asp Lys
1 5 10 15
Ile Arg Gln Gln Asp Phe Val Asn Trp Leu Leu Ala Gln Lys Gly Lys
20 25 30
Lys Asn Asp Trp Lys His Asn Leu Thr Gln
35 40

<210> 3156
<211> 126
<212>ADN
<213> Rattus sp.

<400> 3156
tatgcggaag gcacctttat tagcgattat agcattgcga tggataaaat tcgccagcag 60
gattttgtga actggctgct ggcgcagaaa ggcaaaaaaa acgattggaa acataacctg 120
acccag 126

<210> 3157
<211> 22
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3157
Met Asp Met Arg Val Pro Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15

Leu Arg Gly Ala Arg Cys
20

<210> 3158
<211> 66
<212>ADN
<213>Người hiện đại

<400> 3158
atggacatga gagtgcctgc acagctgctg ggcctgctgc tgctgtggct gagaggcgcc 60
agatgc 66

<210> 3159
<211> 19
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3159
Met Ala Trp Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Leu Thr Gln Gly Thr Gly

1 5 10 15
Ser Trp Ala

<210> 3160
<211> 57
<212>ADN
<213>Người hiện đại

<400> 3160
atggcctggg ctctgctgct cctcaccctc ctcactcagg gcacagggtc ctgggcc 57

<210> 3161
<211> 239
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: polypeptit tổng hợp

<400> 3161
Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro Ala
1 5 10 15
Ser Ser Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val
20 25 30
Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45
Val His Ser Asn Gly Asp Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro
50 55 60
Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser
65 70 75 80
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
85 90 95
Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Ala Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys
100 105 110
Ser Gln Ser Thr His Val Pro Pro Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
115 120 125
Leu Glu Ile Lys Arg Ala Asp Ala Ala Pro Thr Val Ser Ile Phe Pro
130 135 140
Pro Ser Ser Glu Gln Leu Thr Ser Gly Gly Ala Ser Val Val Cys Phe
145 150 155 160
Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Lys Asp Ile Asn Val Lys Trp Lys Ile Asp
165 170 175
Gly Ser Glu Arg Gln Asn Gly Val Leu Asn Ser Trp Thr Asp Gln Asp
180 185 190
Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Met Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Lys
195 200 205
Asp Glu Tyr Glu Arg His Asn Ser Tyr Thr Cys Glu Ala Thr His Lys
210 215 220
Thr Ser Thr Ser Pro Ile Val Lys Ser Phe Asn Arg Asn Glu Cys
225 230 235

<210> 3162
<211> 462

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptittổng hợp

<400> 3162
Met Gly Trp Ser Tyr Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Asp
1 5 10 15
Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys
20 25 30
Pro Gly Ala Ser Val Lys Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe
35 40 45
Thr Ser Asn Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Arg Gln Gly Leu
50 55 60
Glu Trp Ile Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Ser Asn Tyr Asn
65 70 75 80
Glu Lys Phe Lys Thr Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser
85 90 95
Thr Ala Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val
100 105 110
Tyr Tyr Cys Ala Arg Phe Tyr Tyr Gly Thr Ser Trp Phe Ala Tyr Trp
115 120 125
Gly Gln Gly Thr Leu Val Ala Val Ser Ala Ala Lys Thr Thr Pro Pro
130 135 140
Ser Val Tyr Pro Leu Ala Pro Gly Ser Ala Ala Gln Thr Asn Ser Met
145 150 155 160
Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
165 170 175
Val Thr Trp Asn Ser Gly Ser Leu Ser Ser Gly Val His Thr Phe Pro
180 185 190
Ala Val Leu Gln Ser Asp Leu Tyr Thr Leu Ser Ser Ser Val Thr Val
195 200 205
Pro Ser Ser Thr Trp Pro Ser Glu Thr Val Thr Cys Asn Val Ala His
210 215 220
Pro Ala Ser Ser Thr Lys Val Asp Lys Lys Ile Val Pro Arg Asp Cys
225 230 235 240
Gly Cys Lys Pro Cys Ile Cys Thr Val Pro Glu Val Ser Ser Val Phe
245 250 255
Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Val Leu Thr Ile Thr Leu Thr Pro
260 265 270
Lys Val Thr Cys Val Val Val Asp Ile Ser Lys Asp Asp Pro Glu Val
275 280 285
Gln Phe Ser Trp Phe Val Asp Asp Val Glu Val His Thr Ala Gln Thr
290 295 300
Gln Pro Arg Glu Glu Gln Phe Ala Ser Thr Phe Arg Ser Val Ser Glu
305 310 315 320
Leu Pro Ile Met His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Phe Lys Cys
325 330 335
Arg Val Asn Ser Ala Ala Phe Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser
340 345 350
Lys Thr Lys Gly Arg Pro Lys Ala Pro Gln Val Tyr Thr Ile Pro Pro
355 360 365
Pro Lys Glu Gln Met Ala Lys Asp Lys Val Ser Leu Thr Cys Met Ile
370 375 380
Thr Asp Phe Phe Pro Glu Asp Ile Thr Val Glu Trp Gln Trp Asn Gly
385 390 395 400

```
Gln Pro Ala Glu Asn Tyr Lys Asn Thr Gln Pro Ile Met Asp Thr Asp
                405                 410                 415
Gly Ser Tyr Phe Val Tyr Ser Lys Leu Asn Val Gln Lys Ser Asn Trp
            420                 425                 430
Glu Ala Gly Asn Thr Phe Thr Cys Ser Val Leu His Glu Gly Leu His
        435                 440                 445
Asn His His Thr Glu Lys Ser Leu Ser His Ser Pro Gly Lys
    450                 455                 460
```

<210> 3163
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3163

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

<210> 3164
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma horridum

<400> 3164

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

<210> 3165
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3165

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1               5                   10                  15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
            20                  25                  30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
        35
```

<210> 3166
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3166

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1               5                  10                  15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
            20                  25                  30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
        35
```

<210> 3167
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3167

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1               5                  10                  15
Glu Ala Ala Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
            20                  25                  30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
        35
```

<210> 3168
<211> 30
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3168

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1               5                  10                  15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly
            20                  25                  30
```

<210> 3169
<211> 30
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3169

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1               5                  10                  15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly
            20                  25                  30
```

<210> 3170
<211> 30
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3170

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1               5                  10                  15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn Gly Gly
            20                  25                  30
```

<210> 3171
<211> 30
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3171
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Ala Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn Gly Gly
20 25 30

<210> 3172
<211> 28
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3172
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn
20 25

<210> 3173
<211> 28
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3173
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn
20 25

<210> 3174
<211> 28
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3174
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn
20 25

<210> 3175
<211> 28
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3175
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Ala Arg Leu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn
20 25

<210> 3176
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3176
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Lys Ala Ala Lys Glu Phe Ile Glu Phe Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3177
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3177
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Lys Ala Ala Lys Glu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3178
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<220>
<221> MOD_RES
<222> (14)..(14)
<223> OctylGly

<400> 3178
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Gly Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3179
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<220>
<221> MOD_RES

<222> (34)..(34)
<223> OctylGly

<400> 3179
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3180
<211> 37
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3180
His Gly Glu Phe Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Lys Glu Ile Ile Ser
35

<210> 3181
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3181
His Gly Glu Phe Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Leu Glu Glu
1 5 10 15
Lys Ala Ala Lys Glu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Gln Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3182
<211> 39
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3182
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Val Lys Ile Leu Glu Ala
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Lys Phe Ile Glu Phe Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3183
<211> 40
<212> PRT
<213> Heloderma suspectum

<400> 3183
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3184
<211> 31
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3184
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3185
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3185
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Arg
20 25 30

<210> 3186
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (2)..(2)
<223> Aib

<220>
<221> MOD_RES
<222> (29)..(29)
<223> Aib

<400> 3186
His Xaa Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Arg Glu Phe Ile Ala Phe Leu Val Arg Xaa Arg
20 25 30

<210> 3187
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (2)..(2)
<223> Ala, Val hoặc Gly

<220>
<221> MOD_RES
<222> (16)..(16)
<223> Gly, Lys hoặc Glu

<220>
<221> MOD_RES
<222> (17)..(17)
<223> Gln hoặc Lys

<220>
<221> MOD_RES
<222> (24)..(24)
<223> Ala hoặc Glu

<220>
<221> MOD_RES
<222> (27)..(27)
<223> Val hoặc Lys

<220>
<221> MOD_RES
<222> (28)..(28)
<223> Lys, Asn hoặc Arg

<220>
<221> MOD_RES
<222> (30)..(30)
<223> Arg hoặc Gly

<220>
<221> MOD_RES
<222> (31)..(31)
<223> Gly, His, Pro hoặc không có mặt

<400> 3187

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

<210> 3188
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3188
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Arg Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3189
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3189
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Glu Trp Leu Val Lys Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3190
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3190
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Lys
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3191
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3191
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly Gly
20 25 30

<210> 3192
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3192
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly Gly
20 25 30

<210> 3193
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3193
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Lys Asn Gly Gly Gly
20 25 30

<210> 3194
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3194
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Lys Asn Gly Gly Gly
20 25 30

<210> 3195
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3195
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly Pro
20 25 30

<210> 3196
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3196
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly Pro
20 25 30

<210> 3197
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3197
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro
20 25 30

<210> 3198
<211> 31
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3198
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro
20 25 30

<210> 3199
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3199
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly
20 25 30

<210> 3200
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3200
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly
20 25 30

<210> 3201
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3201
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Asn Gly Gly
20 25 30

<210> 3202
<211> 30

<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3202
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Asn Gly Gly
20 25 30

<210> 3203
<211> 230
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (16)..(16)
<223> Pro hoặc Glu

<220>
<221> MOD_RES
<222> (17)..(17)
<223> Phe, Val hoặc Ala

<220>
<221> MOD_RES
<222> (18)..(18)
<223> Leu, Glu hoặc Ala

<220>
<221> MOD_RES
<222> (80)..(80)
<223> Asn hoặc Ala

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (230)..(230)
<223>Có thể có hoặc không có mặt

<400> 3203
Ala Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Xaa
1 5 10 15
Xaa Xaa Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
20 25 30
Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
35 40 45
Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
50 55 60

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Xaa
65 70 75 80
Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp
85 90 95
Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro
100 105 110
Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu
115 120 125
Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn
130 135 140
Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile
145 150 155 160
Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr
165 170 175
Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg
180 185 190
Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys
195 200 205
Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu
210 215 220
Ser Leu Ser Leu Gly Lys
225 230

<210> 3204
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221>MISC_FEATURE
<222> (1)..(30)
<223>Trình tự này có thể bao gồm 1-6 đơn vị lặp "Gly Gly Gly Gly Ser", trong đó một số vị trí có thể không có mặt

<220>
<223>Xem bản mô tả như đã nộp về mô tả chi tiết các thay thế và các phương án được ưu tiên

<400> 3204
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
20 25 30

<210> 3205
<211> 275
<212> PRT
<213>Người hiện đại

<400> 3205

```
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1               5                  10                  15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Gly Gly Gly
            20                  25                  30
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ala Glu
        35                  40                  45
Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Ala
    50                  55                  60
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
65                  70                  75                  80
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
                85                  90                  95
Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
            100                 105                 110
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
        115                 120                 125
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
    130                 135                 140
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
145                 150                 155                 160
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
                165                 170                 175
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
            180                 185                 190
Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
        195                 200                 205
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
    210                 215                 220
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr
225                 230                 235                 240
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
                245                 250                 255
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
            260                 265                 270
Ser Leu Gly
        275
```

<210> 3206
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (2)..(2)
<223> D-Ala, Gly, Val, Leu, Ile, Ser hoặc Thr

<220>
<221> MOD_RES
<222> (16)..(16)
<223> Gly, Glu, Asp hoặc Lys

<220>
<221> MOD_RES
<222> (27)..(27)
<223> Val hoặc Ile

<220>
<223>Xem bản mô tả như đã nộp về mô tả chi tiết các thay thế và các phương án được ưu tiên

<400> 3206
His Xaa Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Xaa
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Xaa Lys Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Cys Cys
35 40

<210> 3207
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<223>Xem bản mô tả như đã nộp về các thay thế và các phương án được ưu tiên

<400> 3207
His Val Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gln Ala Ala Lys Glu Phe Ile Ala Trp Leu Ile Lys Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Cys Cys
35 40

<210> 3208
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3208
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3209
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3209
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Lys
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3210
<211> 38
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3210
Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu Glu
1 5 10 15
Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser Ser
20 25 30
Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3211
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<220>
<221> MOD_RES
<222> (14)..(14)
<223> NorLeu

<400> 3211
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Arg Gln Xaa Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Arg Asn Gly Gly Pro Lys
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3212
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3212
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3213
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3213
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3214
<211> 39
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3214
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3215
<211> 39
<212> PRT

<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3215
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Lys Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser
35

<210> 3216
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3216
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3217
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3217
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3218
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3218

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

<210> 3219
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3219
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3220
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3220
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3221
<211> 40
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3221
His Gly Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ser Lys Gln Met Glu Glu
1 5 10 15
Glu Ala Val Arg Leu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Asn Gly Gly Pro Ser
20 25 30
Ser Gly Ala Pro Pro Pro Ser Lys
35 40

<210> 3222
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3222
Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly Gln
1 5 10 15
Ala Ala Arg Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3223
<211> 30
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3223
Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly Gln
1 5 10 15
Ala Ala Arg Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Lys Gly Arg Gly
20 25 30

<210> 3224
<211> 32
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

<400> 3224
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Arg Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Arg Gly Arg Gly Lys
20 25 30

<210> 3225
<211> 32
<212> PRT
<213>Trình tự nhân tạo

<220>
<223>Mô tả trình tự nhân tạo: Polypeptit tổng hợp

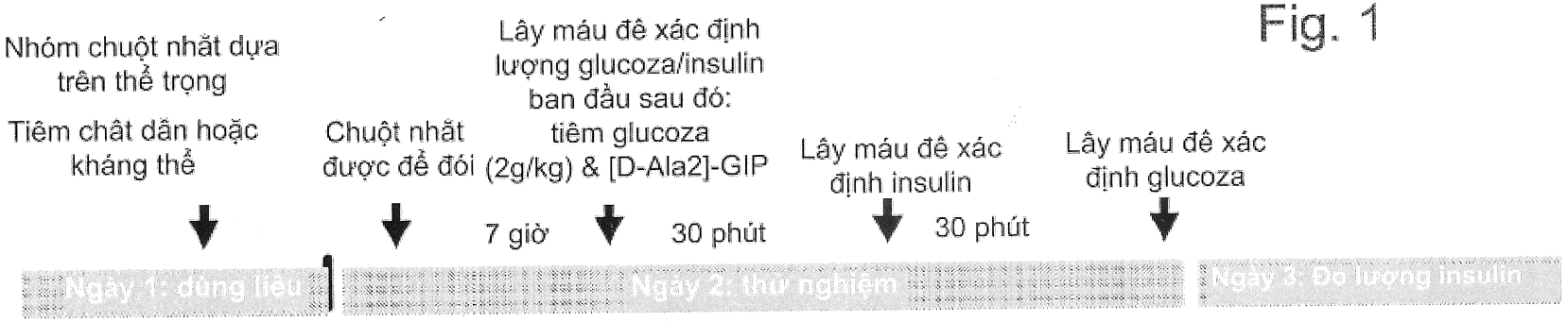
<400> 3225
His Ala Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Val Ser Ser Tyr Leu Glu Gly
1 5 10 15
Gln Ala Ala Arg Glu Phe Ile Ala Trp Leu Val Arg Gly Arg Gly Lys

20 25 30

Thử nghiệm dược lực học trên chuột nhắt để thử nghiệm các kháng thể kháng GIPR - Thiết kế nghiên cứu

- Chuột nhắt: C57BL/6 bị béo phì do chế độ ăn do Jaclson Labs cung cấp, 18 tuần tuổi
- Thử nghiệm: Để thử nghiệm kháng thể kháng GIPR trong việc ức chế tiết insulin do GIP ngoại sinh gây ra ([D-Ala2]-GIP) và glucoza
- Thông số phân tích
  - Insulin (T=0, 30 phút từ liều [D-Ala2]-GIP và glucoza)
  - Glucoza (T=0, 60 phút từ liều [D-Ala2]-GIP và glucoza)
- Nhóm nghiên cứu
  - Đối chứng âm: chất dẫn, [D-Ala2]-GIP (50nmol/kg)
  - Kháng thể 2.63.1 ở liều 25, 5, 1, 0,2, 0,04mg/kg
  - Đối chứng dương: Chất dẫn, không có [D-Ala2]-GIP

Fig. 1



Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 gây đối kháng quá trình tiết insulin được cảm ứng bởi GIP

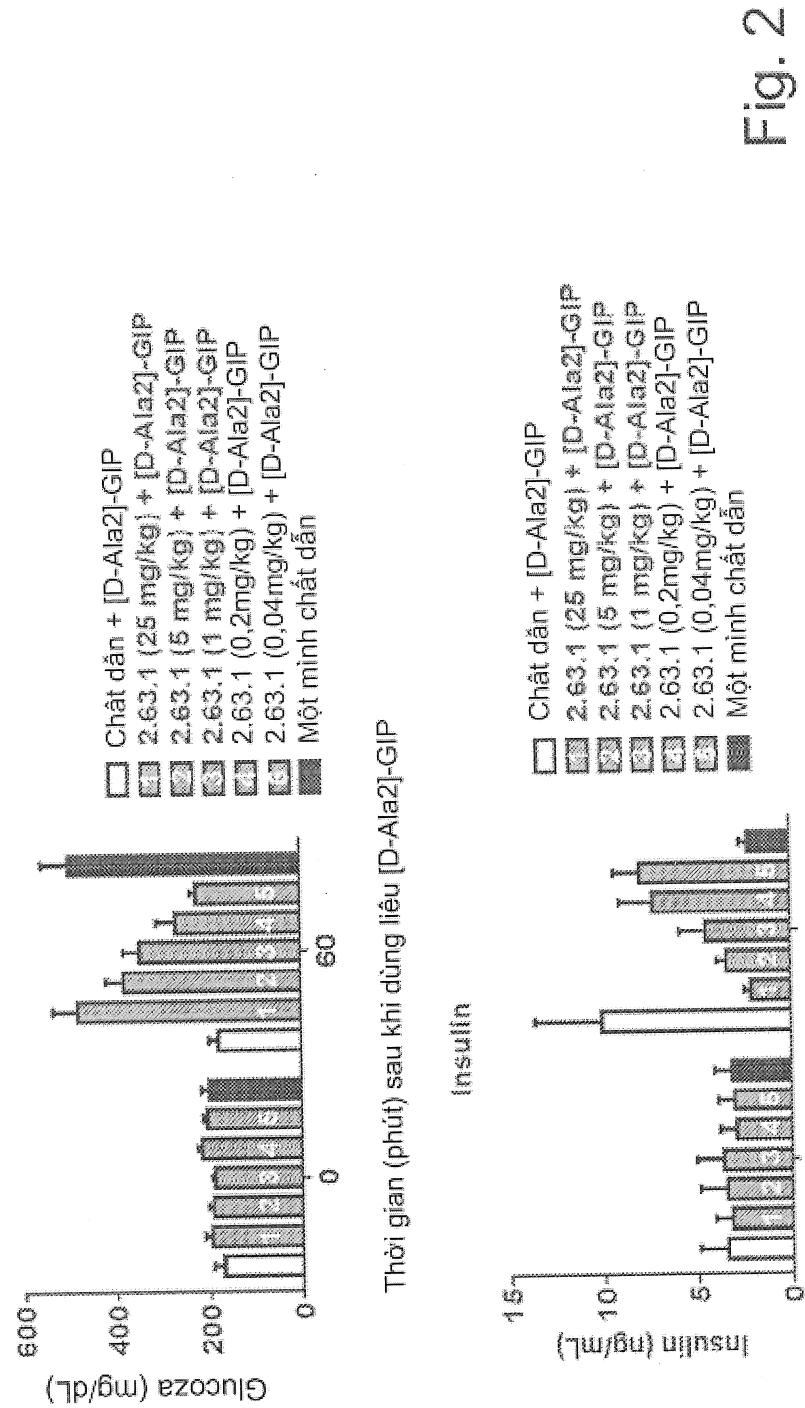
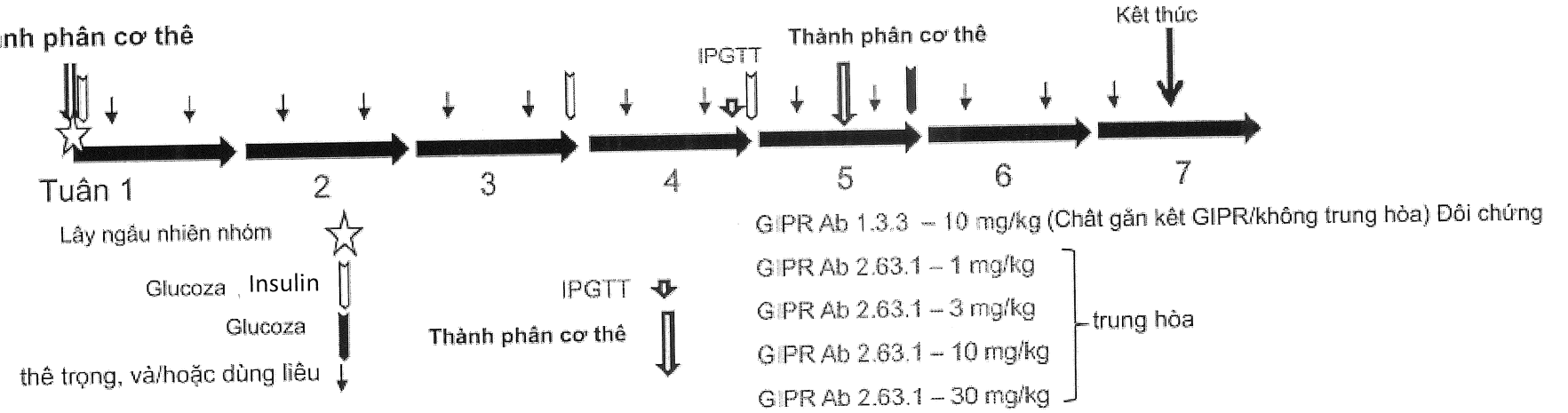


Fig. 2

Điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 - Thiết kế nghiên cứu

* Chuột nhắt đực C57BL6 bị béo phì do chế độ ăn (Jackson Lab), 18 tuần tuổi khi bắt đầu điều trị (được nuôi theo chế độ giàu chất béo trong 12 tuần)
* Chuột nhắt được lấy ngẫu nhiên dựa trên thể trọng, lượng glucoza và insulin (10AM, bị để đói trong 4 giờ)
* Chuột nhắt được cho dùng liều hai lần một tuần trong 6 tuần
* Thể trọng hàng tuần; lượng glucoza khi đói được đo lúc bắt đầu nghiên cứu và các thời điểm tuần thứ 3, tuần thứ 4 và tuần thứ 5
* Máu được thu gom ở thời điểm bắt đầu nghiên cứu và tuần thứ 3. Máu khi kết thúc điều trị được lấy để đo lượng insulin, tổng lượng cholesterol và triglyxerit.
* Thử nghiệm dung nạp glucoza qua đường trong màng bụng (IPGTT) với 1g/kg glucoza được tiến hành ở tuần thứ 4 với 4 giờ để đói
* Phân thích thành phần cơ thể về khối lượng mỡ/nạc được tiến hành lúc bắt đầu nghiên cứu và tuần 4,5
* Ở tuần 6,5, nghiên cứu này được kết thúc.
  Máu khi kết thúc điều trị
  Khối lượng mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn (EpiWAT) và gan
  Gan và EpiWAT được thu gom để chẩn đoán bệnh

FIG.3



Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm sự tăng thể trọng

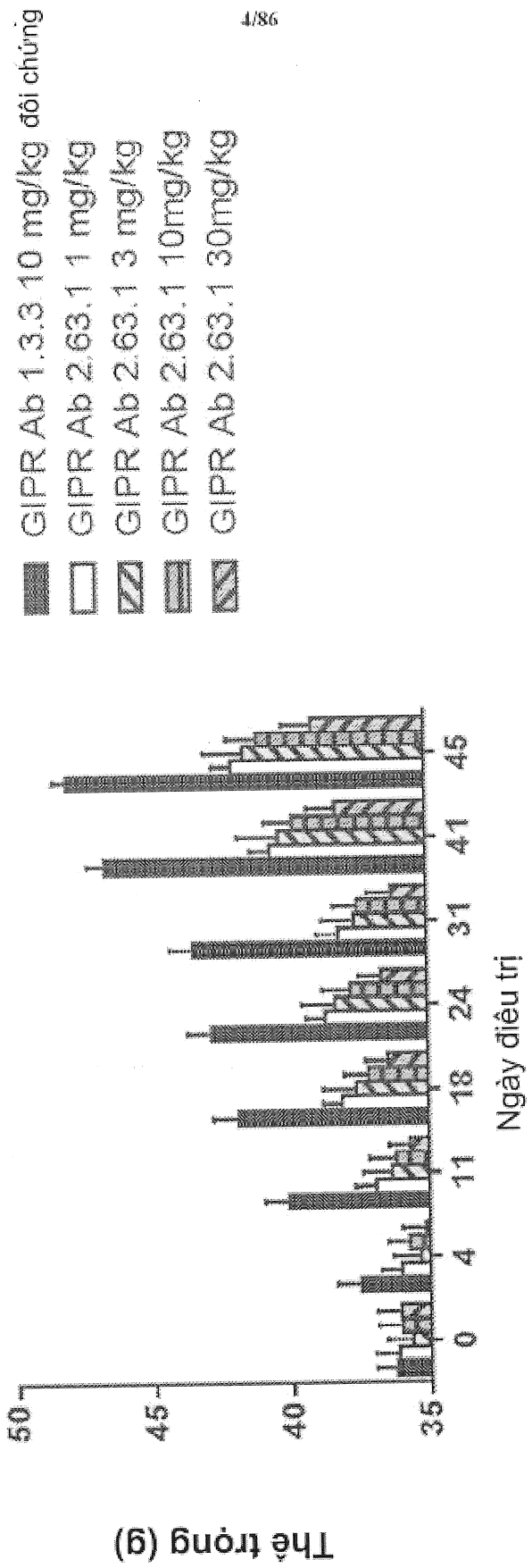


Fig. 4

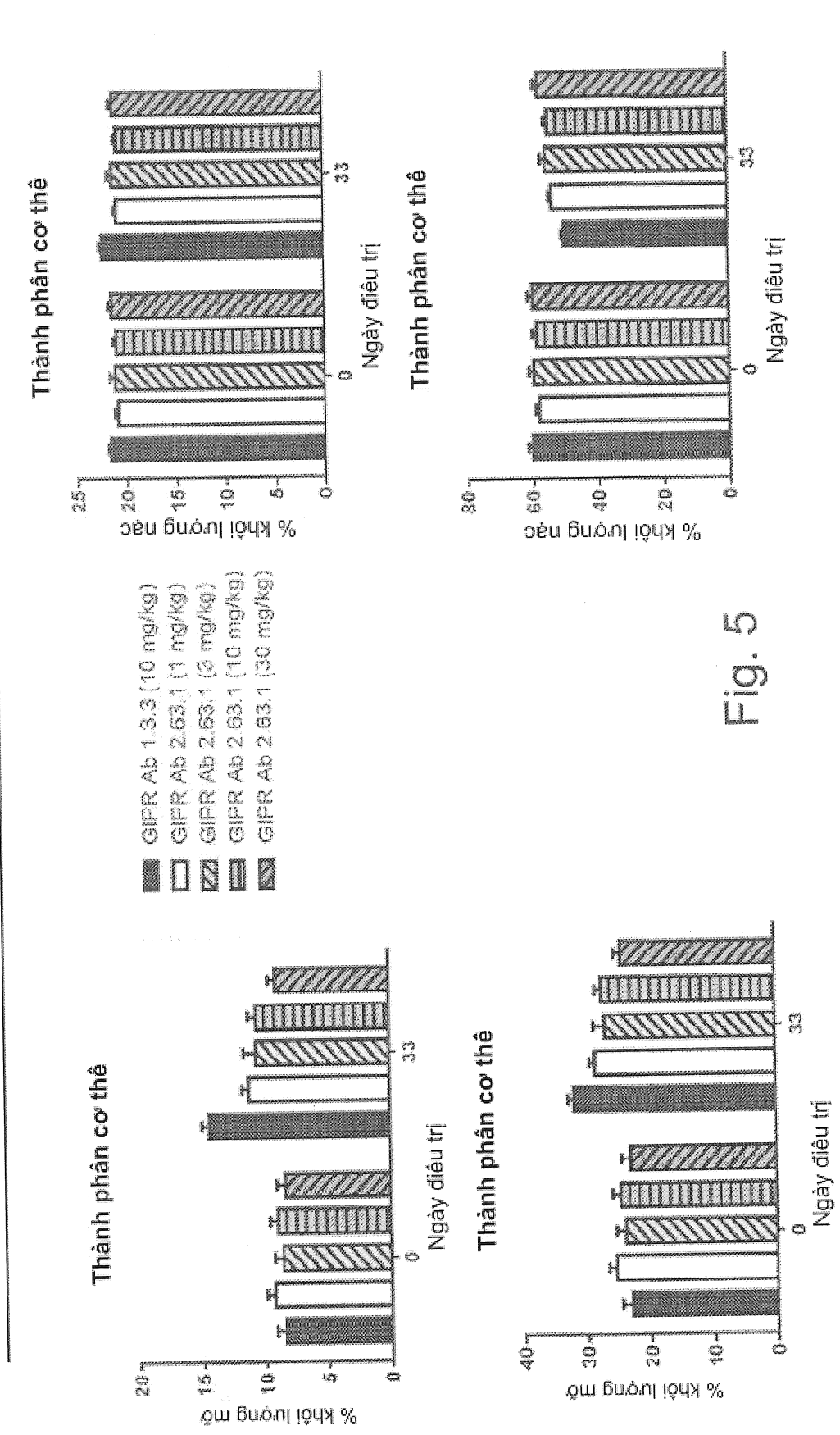

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm khối lượng mỡ
Thành phần cơ thể
% khối lượng nạc
Ngày điều trị
Thành phần cơ thể
% khối lượng nạc
Ngày điều trị
GIPR Ab 1.3.3 (10 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (1 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (3 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (10 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (30 mg/kg)
Thành phần cơ thể
% khối lượng mỡ
Ngày điều trị
Thành phần cơ thể
% khối lượng mỡ
Ngày điều trị

Fig. 5

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm khối lượng mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn

Fig. 6

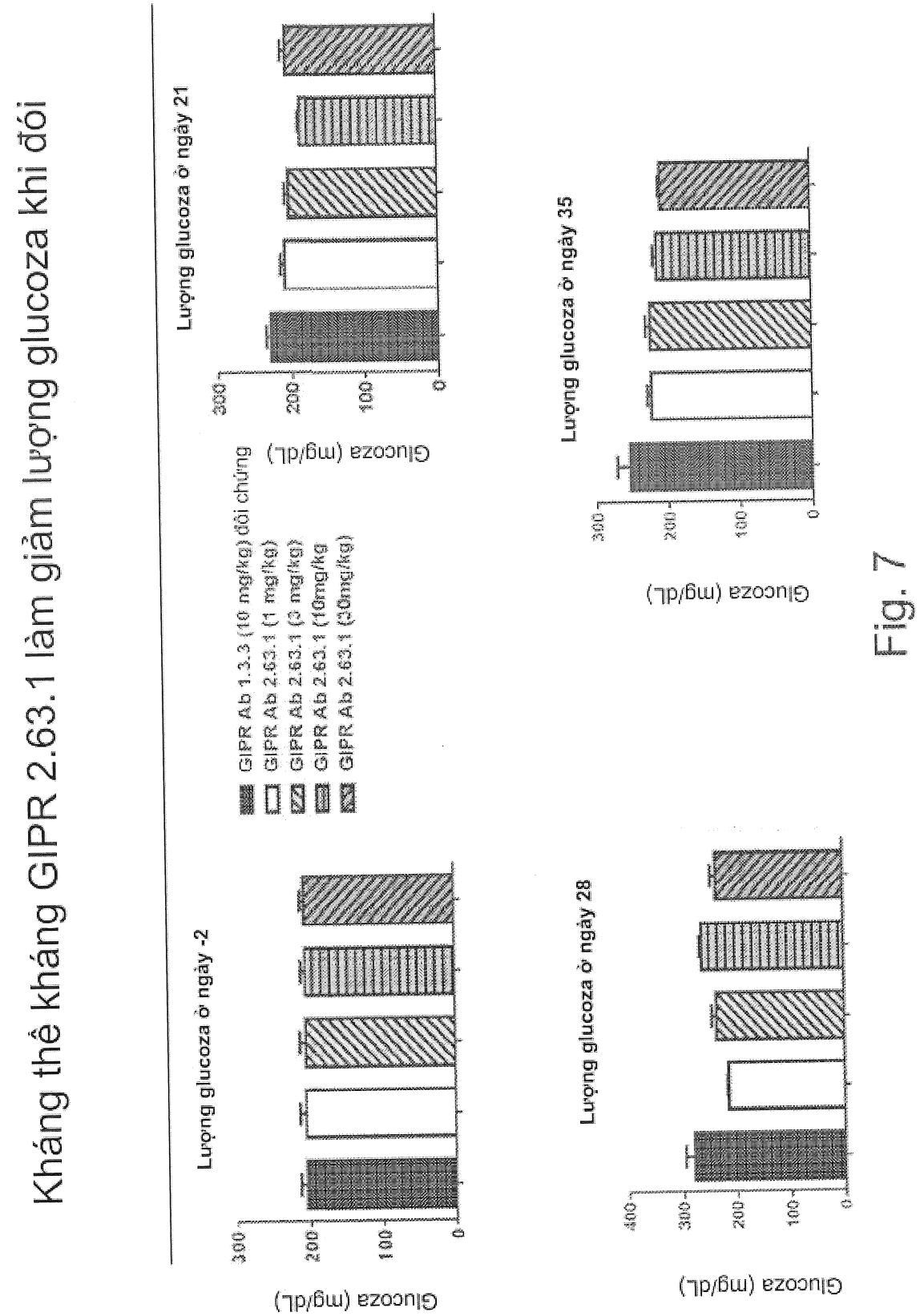

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm lượng glucoza khi đói
Lượng glucoza ở ngày -2
Lượng glucoza ở ngày 21
Lượng glucoza ở ngày 28
Lượng glucoza ở ngày 35
Glucoza (mg/dL)
GIPR Ab 1.3.3 (10 mg/kg) đối chứng
GIPR Ab 2.63.1 (1 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (3 mg/kg)
GIPR Ab 2.63.1 (10mg/kg
GIPR Ab 2.63.1 (30mg/kg)

Fig. 7

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm lượng Insulin

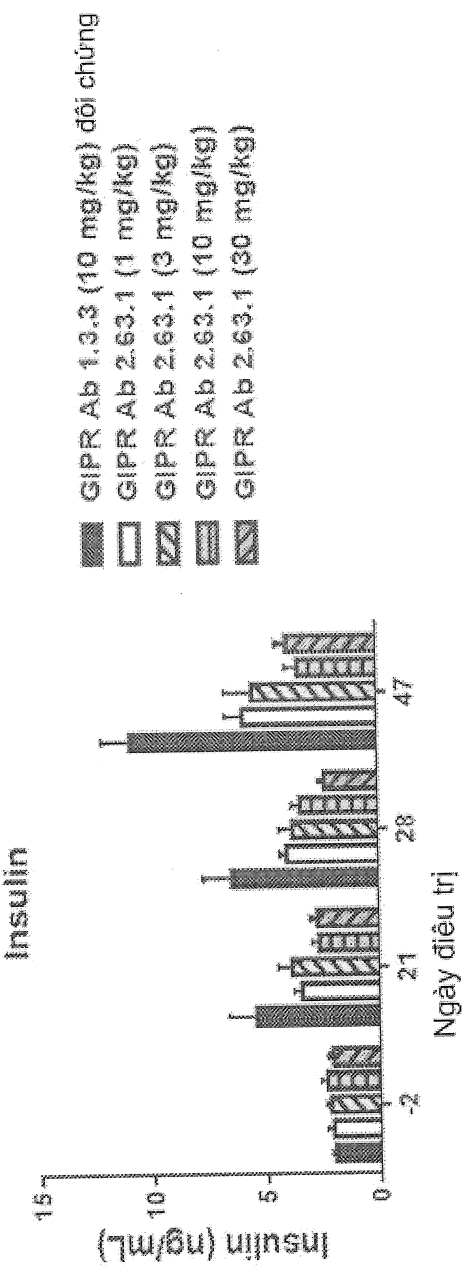


Fig. 8

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 giúp cải thiện khả năng dung nạp glucoza

Fig. 9

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm tổng lượng cholesterol và lượng triglyxerit trong huyết thanh

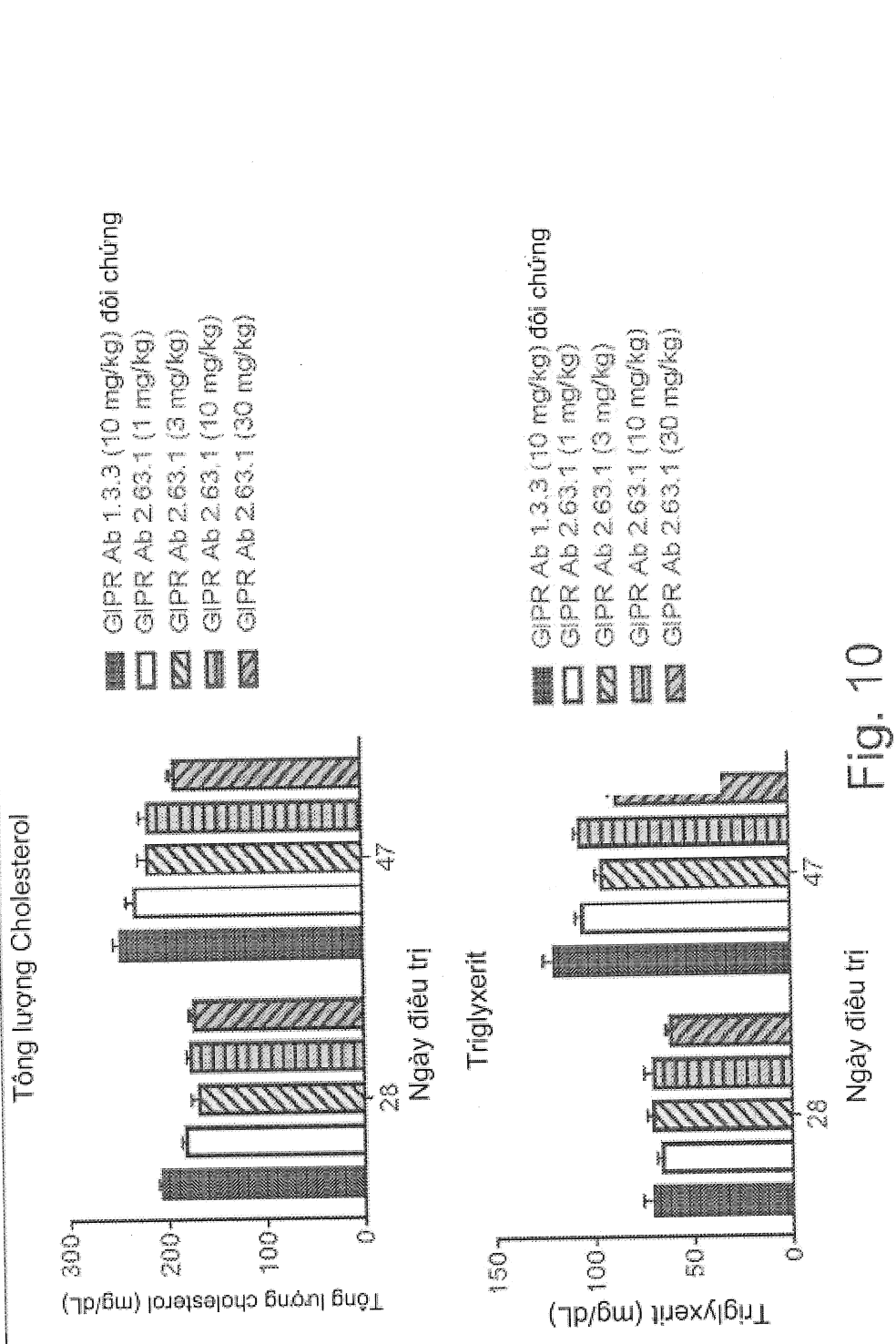


Fig. 10

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm sự thay đổi vi nang trong tế bào gan và sự tích tụ lipit tương ứng

Fig. 11

Kháng thể kháng GIPR 2.63.1 làm giảm khối lượng gan và lượng triglyxerit

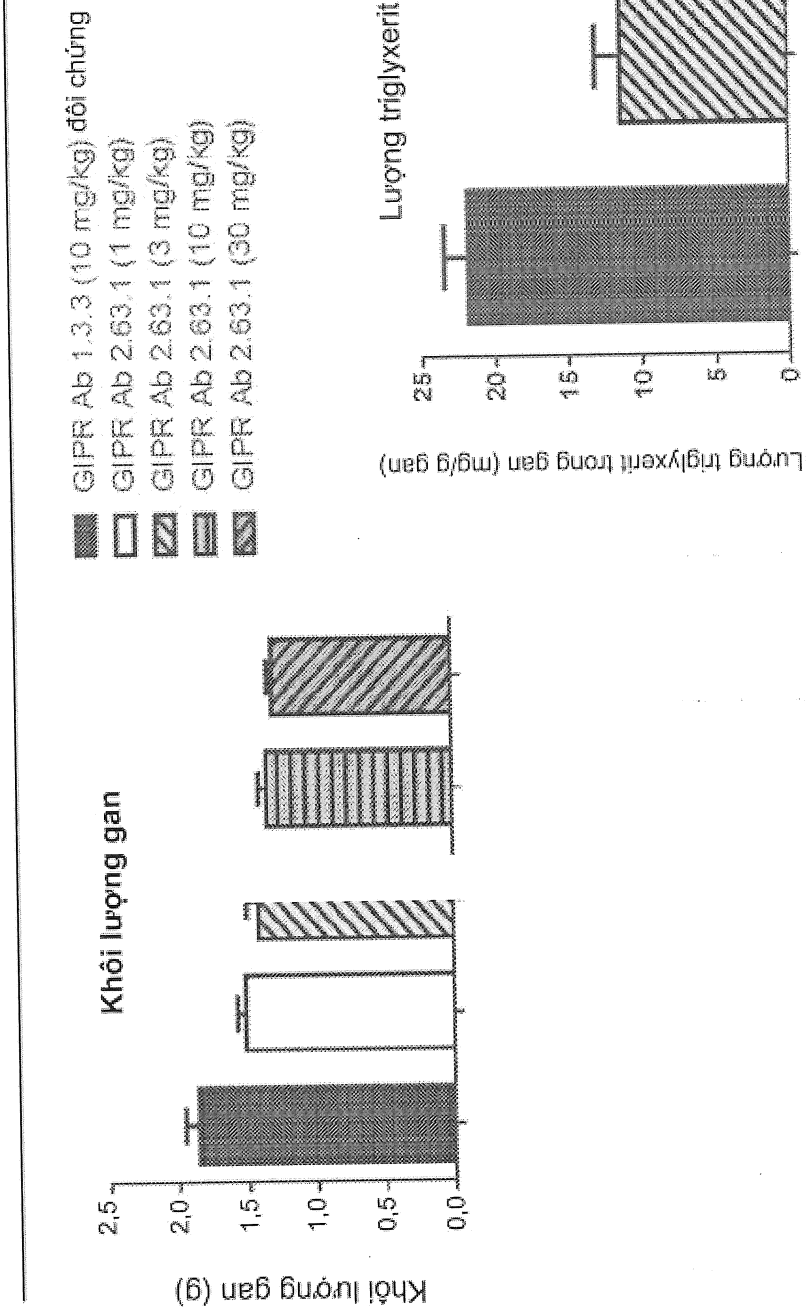


Fig. 12

Tình trạng viêm giảm và lượng tế bào đại thực bào thâm nhiễm quanh các tế bào mỡ ở mô mỡ trắng ở mào tinh hoàn giảm khi điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1

Fig. 13

Họ 4H9

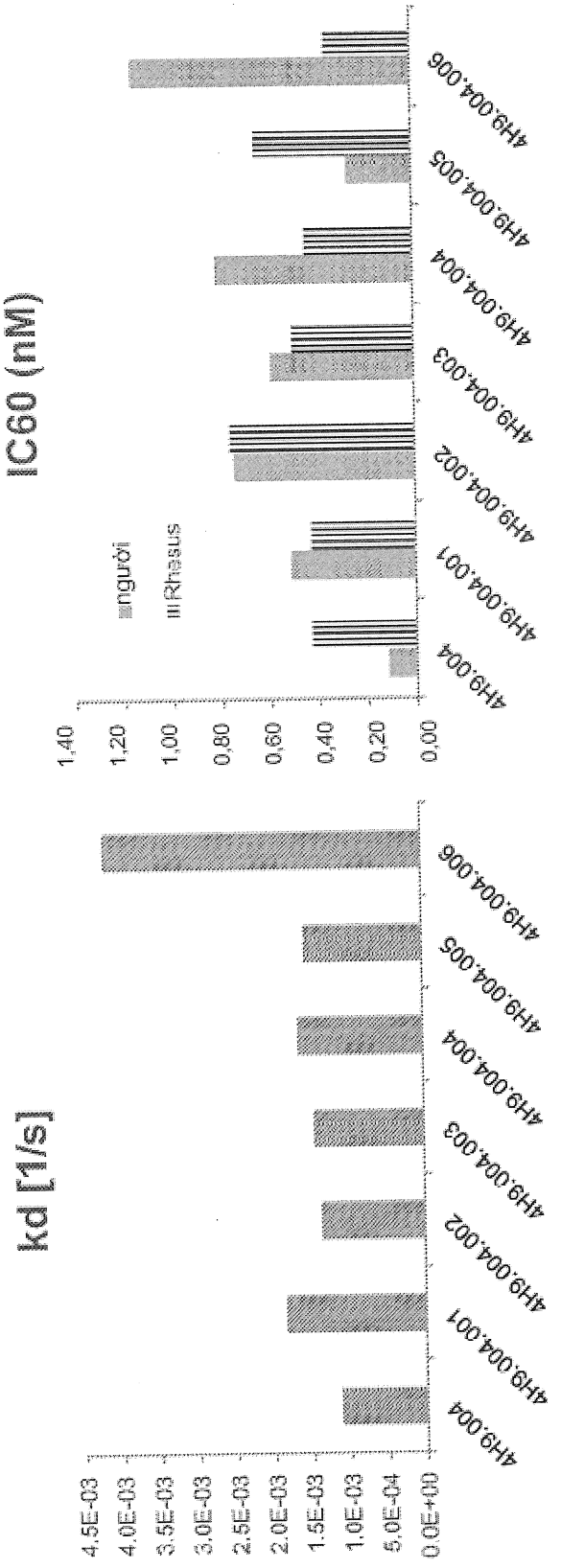


Fig. 14A

Hu 4B1

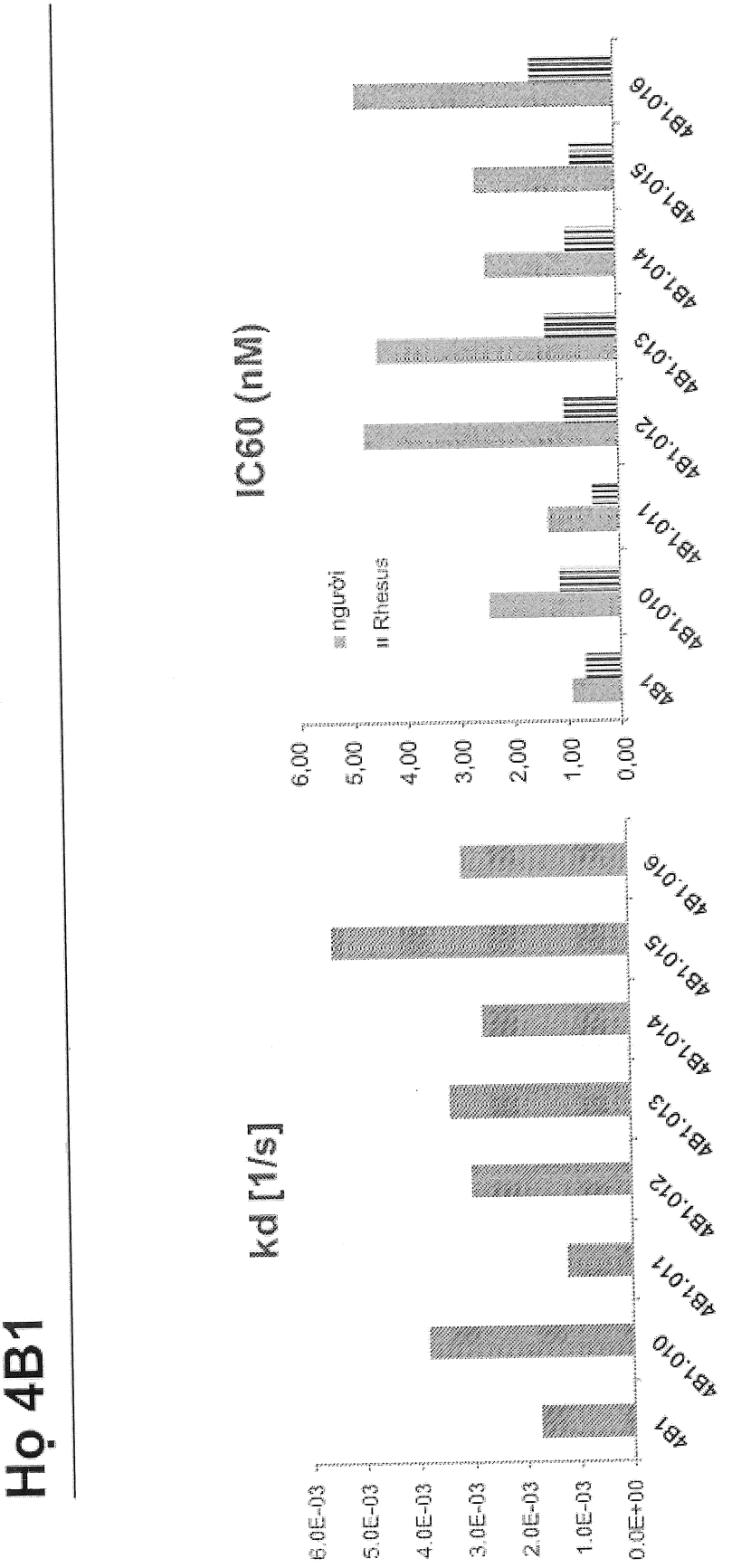


Fig. 14B

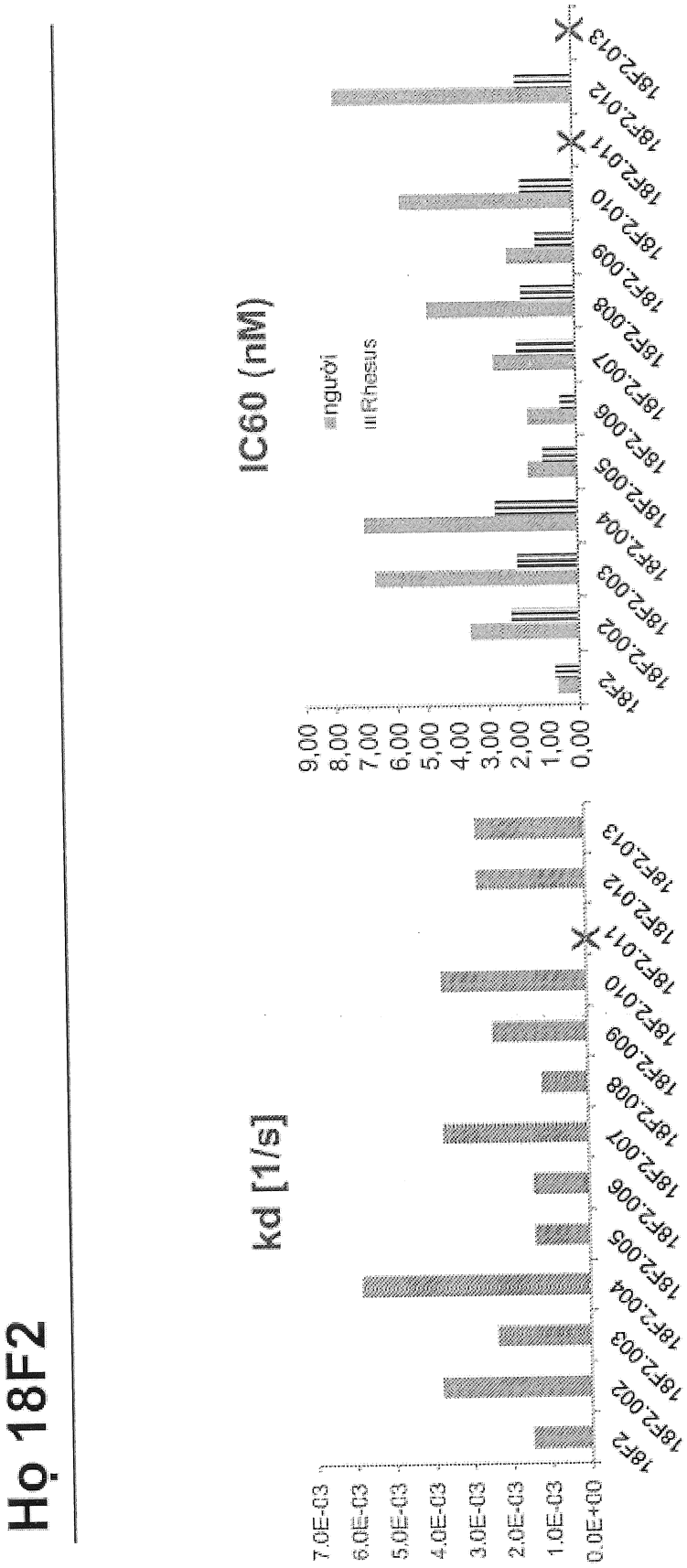

Họ 18F2
kd [1/s]
7.0E-03
6.0E-03
5.0E-03
4.0E-03
3.0E-03
2.0E-03
1.0E-03
0.0E+00
18F2
18F2.002
18F2.003
18F2.004
18F2.005
18F2.006
18F2.007
18F2.008
18F2.009
18F2.010
18F2.011
18F2.012
18F2.013
IC60 (nM)
người
Rhesus
9,00
8,00
7,00
6,00
5,00
4,00
3,00
2,00
1,00
0,00
18F2
18F2.002
18F2.003
18F2.004
18F2.005
18F2.006
18F2.007
18F2.008
18F2.009
18F2.010
18F2.011
18F2.012
18F2.013
X Không ức chế/gắn kết

Fig. 14C

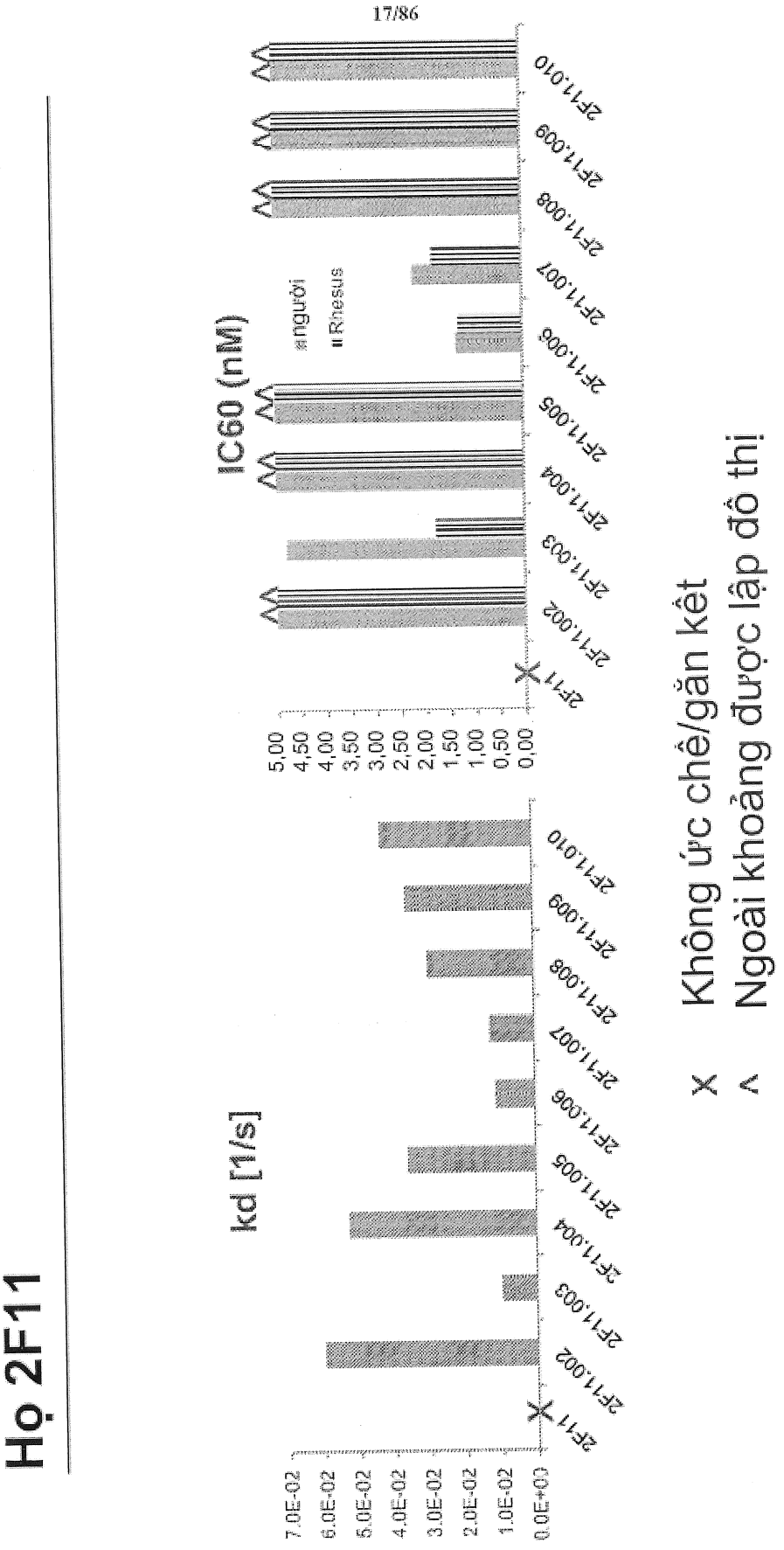

17/86
Họ 2F11
kd [1/s]
7.0E-02
6.0E-02
5.0E-02
4.0E-02
3.0E-02
2.0E-02
1.0E-02
0.0E+00
2F11
2F11.002
2F11.003
2F11.004
2F11.005
2F11.006
2F11.007
2F11.008
2F11.009
2F11.010
IC60 (nM)
người
Rhesus
5,00
4,50
4,00
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
2F11
2F11.002
2F11.003
2F11.004
2F11.005
2F11.006
2F11.007
2F11.008
2F11.009
2F11.010
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14D

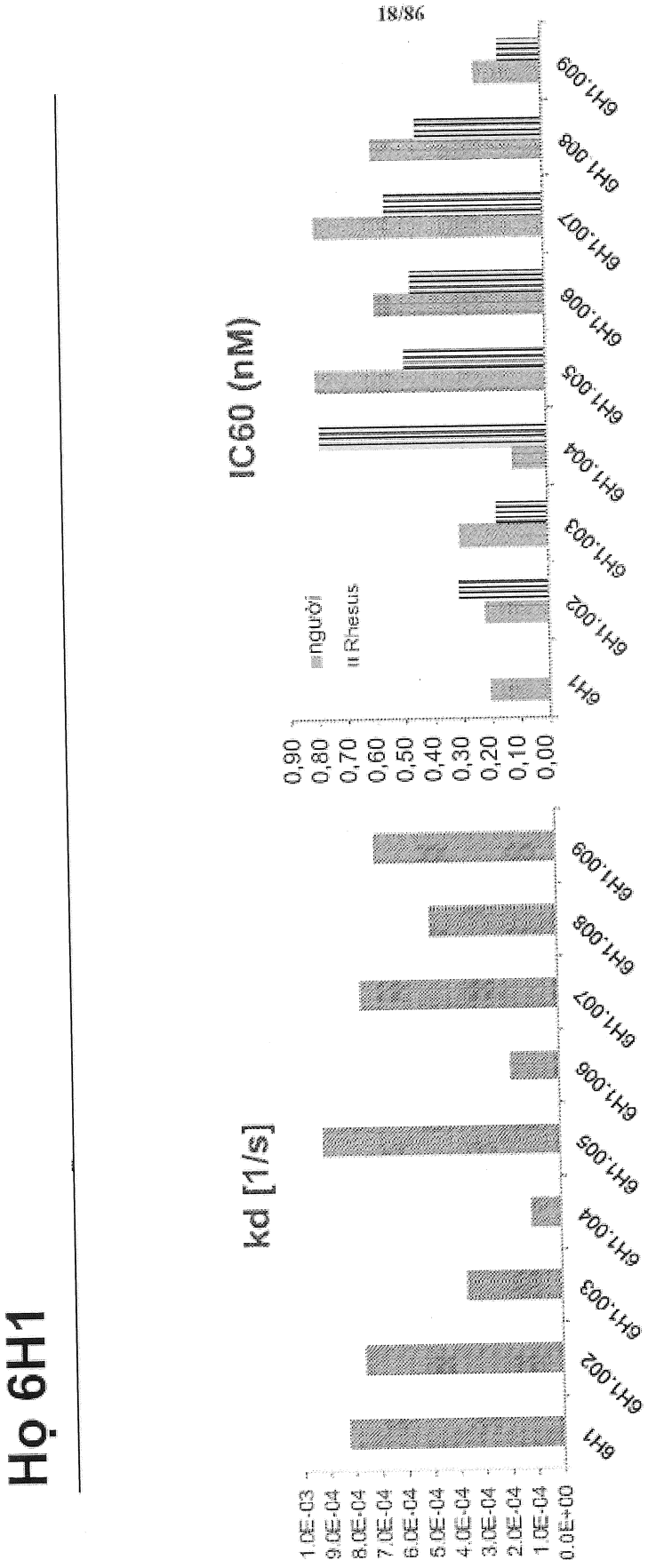

Họ 6H1
18/86
kd [1/s]
1.0E-03
9.0E-04
8.0E-04
7.0E-04
6.0E-04
5.0E-04
4.0E-04
3.0E-04
2.0E-04
1.0E-04
0.0E+00
6H1
6H1.002
6H1.003
6H1.004
6H1.005
6H1.006
6H1.007
6H1.008
6H1.009
IC60 (nM)
0,90
0,80
0,70
0,60
0,50
0,40
0,30
0,20
0,10
0,00
người
Rhesus
6H1
6H1.002
6H1.003
6H1.004
6H1.005
6H1.006
6H1.007
6H1.008
6H1.009

Fig. 14E

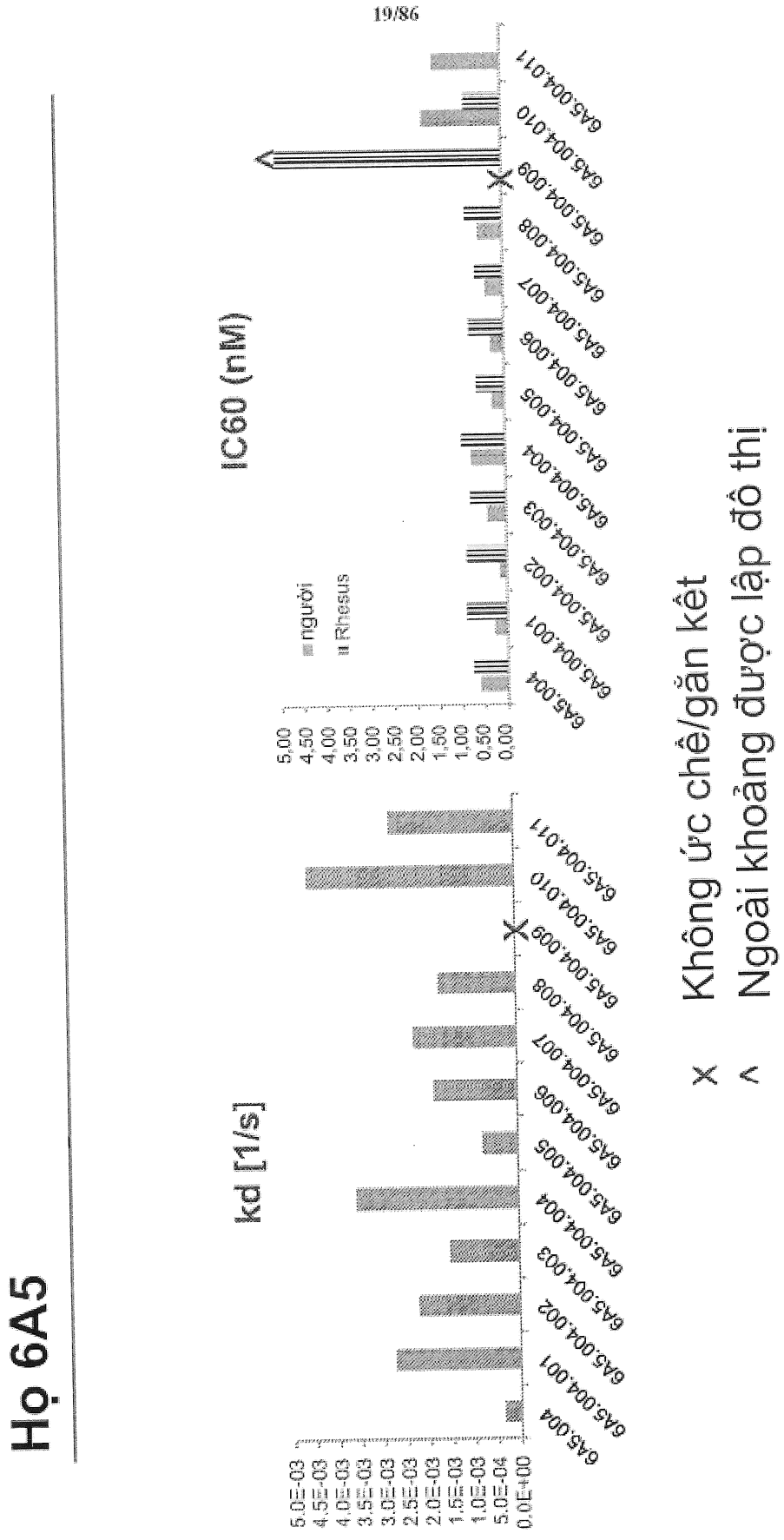
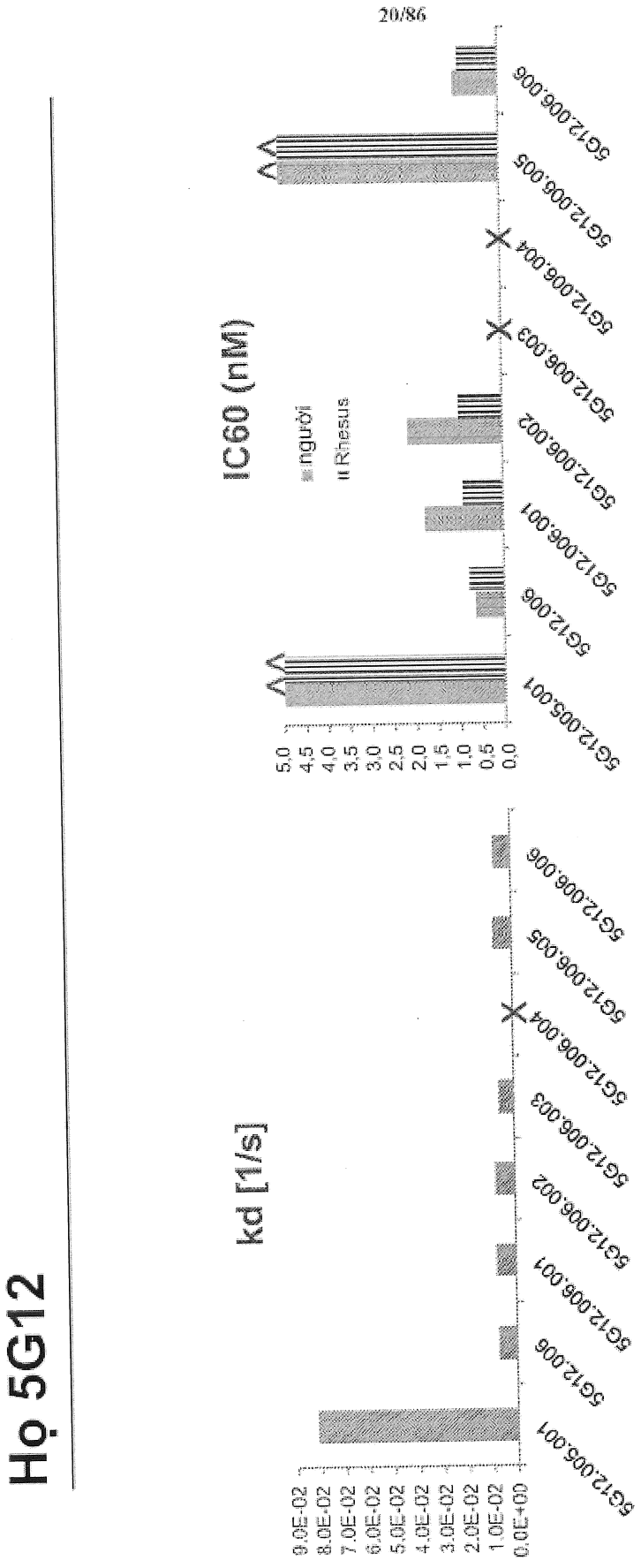

Họ 6A5
kd [1/s]
5.0E-03
4.5E-03
4.0E-03
3.5E-03
3.0E-03
2.5E-03
2.0E-03
1.5E-03
1.0E-03
5.0E-04
0.0E+00
6A5.004
6A5.004.001
6A5.004.002
6A5.004.003
6A5.004.004
6A5.004.005
6A5.004.006
6A5.004.007
6A5.004.008
6A5.004.009
6A5.004.010
6A5.004.011
IC60 (nM)
người
Rhesus
5,00
4,50
4,00
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
6A5.004
6A5.004.001
6A5.004.002
6A5.004.003
6A5.004.004
6A5.004.005
6A5.004.006
6A5.004.007
6A5.004.008
6A5.004.009
6A5.004.010
6A5.004.011
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14F



X Không ức chế/gắn kết

^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14G

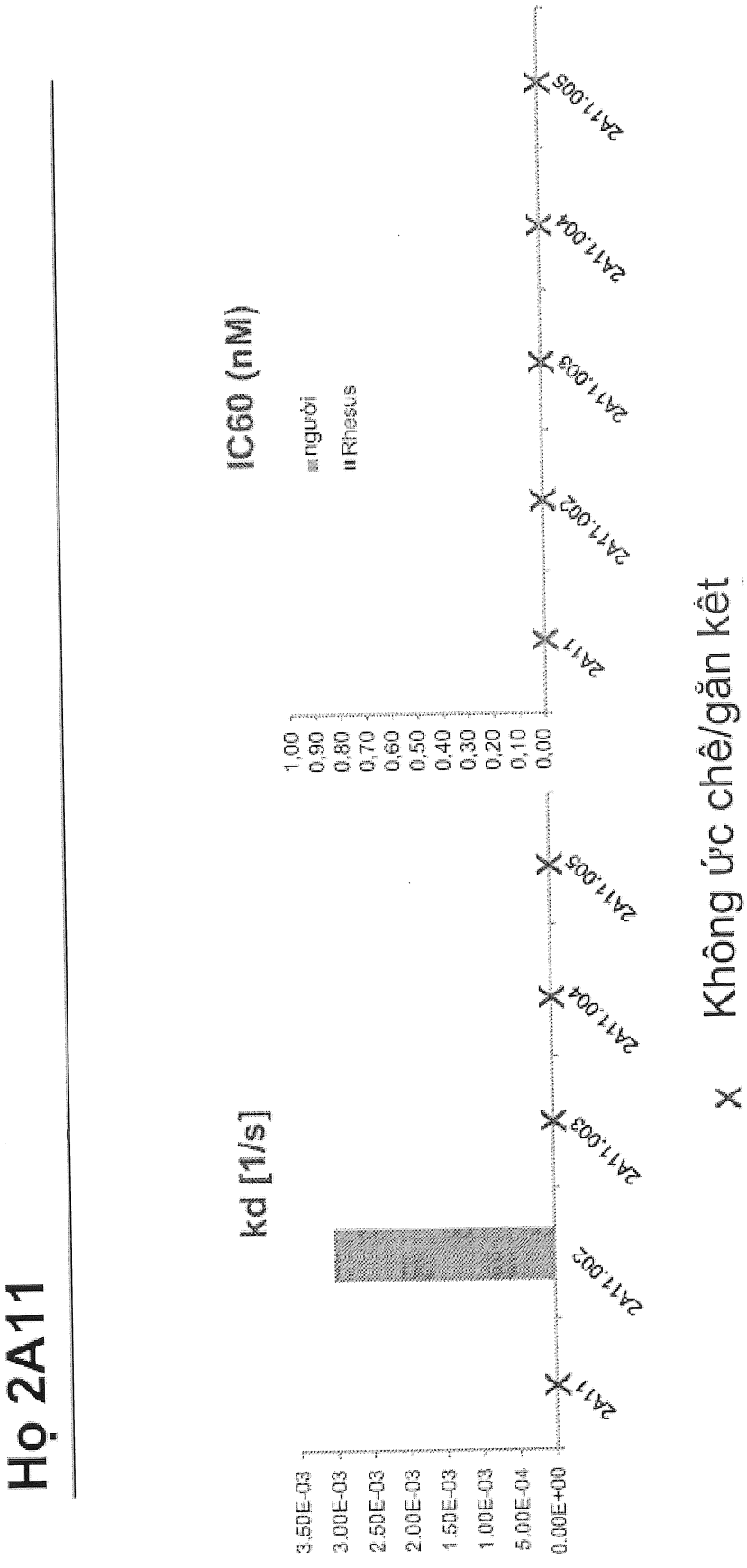

Họ 2A11
kd [1/s]
3.50E-03
3.00E-03
2.50E-03
2.00E-03
1.50E-03
1.00E-03
5.00E-04
0.00E+00
2A11
2A11.002
2A11.003
2A11.004
2A11.005
IC60 (nM)
người
Rhesus
1,00
0,90
0,80
0,70
0,60
0,50
0,40
0,30
0,20
0,10
0,00
2A11
2A11.002
2A11.003
2A11.004
2A11.005
x Không ức chế/gắn kết

Fig. 14H

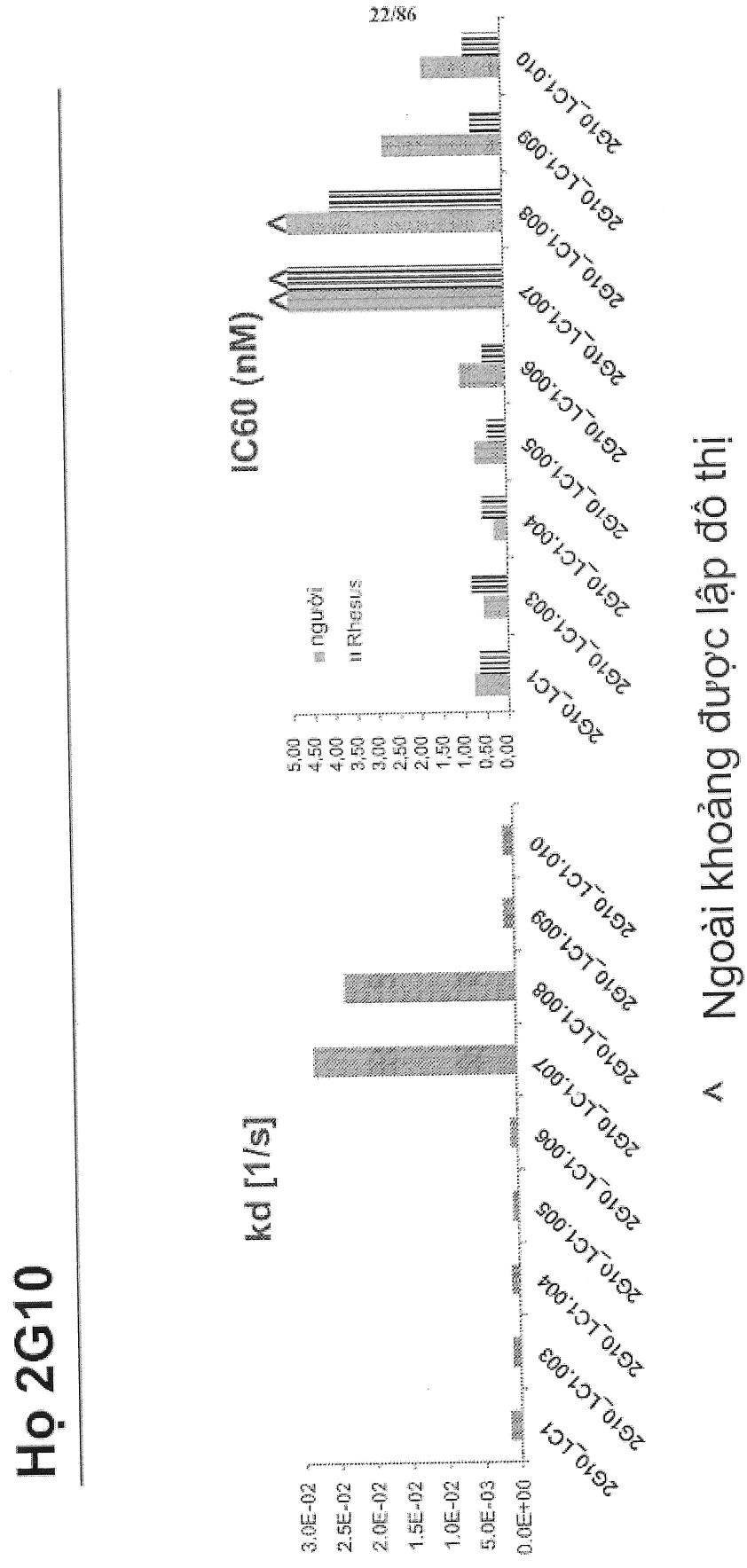

Họ 2G10
kd [1/s]
3.0E-02
2.5E-02
2.0E-02
1.5E-02
1.0E-02
5.0E-03
0.0E+00
2G10_LC1
2G10_LC1.003
2G10_LC1.004
2G10_LC1.005
2G10_LC1.006
2G10_LC1.007
2G10_LC1.008
2G10_LC1.009
2G10_LC1.010
IC60 (nM)
người
Rhesus
5,00
4,50
4,00
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
2G10_LC1
2G10_LC1.003
2G10_LC1.004
2G10_LC1.005
2G10_LC1.006
2G10_LC1.007
2G10_LC1.008
2G10_LC1.009
2G10_LC1.010
22/86
Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14I

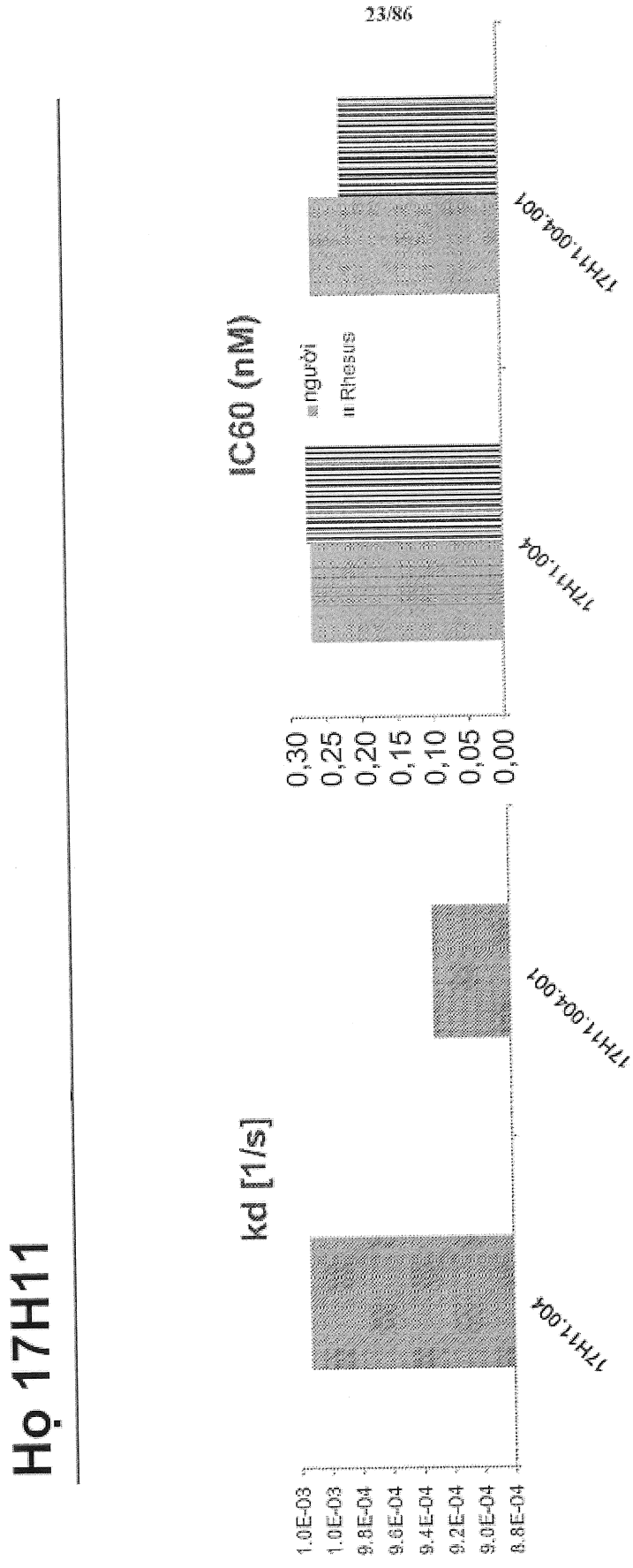

Họ 17H11
kd [1/s]
1.0E-03
1.0E-03
9.8E-04
9.6E-04
9.4E-04
9.2E-04
9.0E-04
8.8E-04
17H11.004
17H11.004.001
17H11.004
17H11.004.001
IC60 (nM)
0,30
0,25
0,20
0,15
0,10
0,05
0,00
người
Rhesus
17H11.004
17H11.004.001

Fig. 14J

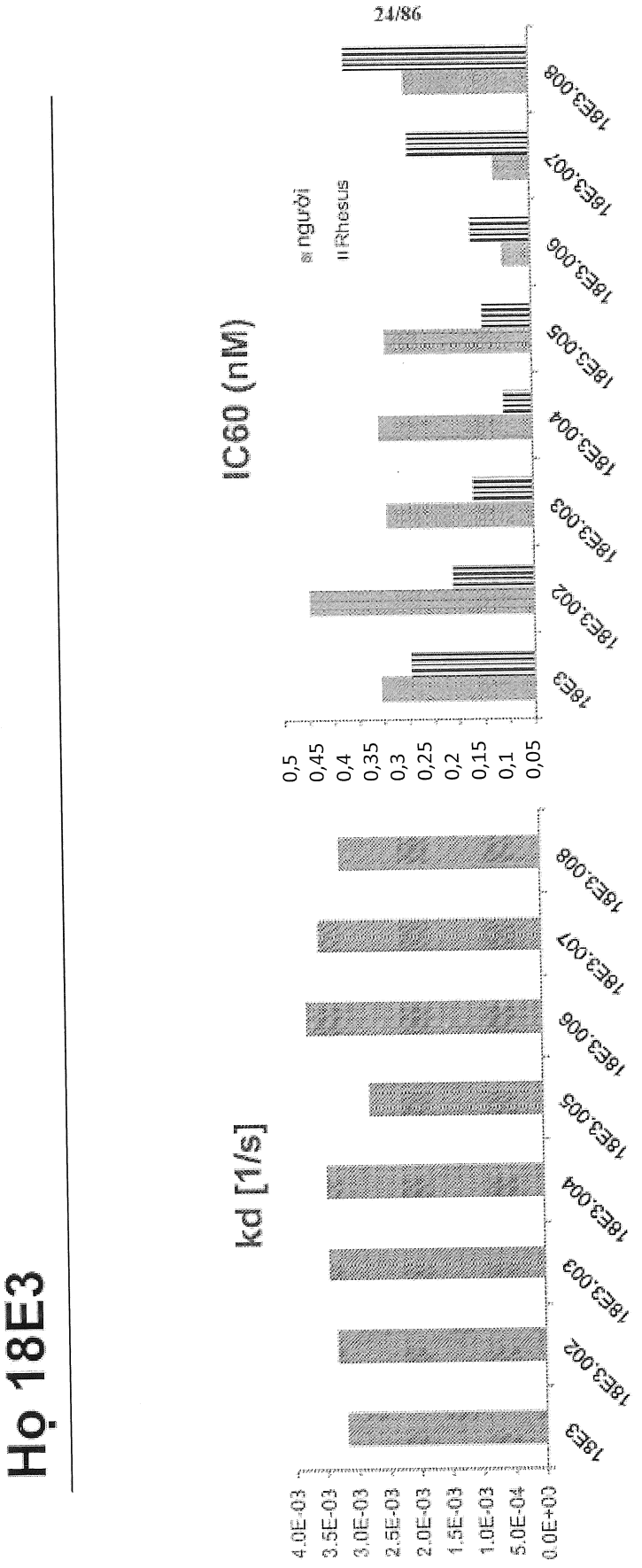

Họ 18E3
kd [1/s]
4.0E-03
3.5E-03
3.0E-03
2.5E-03
2.0E-03
1.5E-03
1.0E-03
5.0E-04
0.0E+00
18E3
18E3.002
18E3.003
18E3.004
18E3.005
18E3.006
18E3.007
18E3.008
IC60 (nM)
0,5
0,45
0,4
0,35
0,3
0,25
0,2
0,15
0,1
0,05
ngườI
Rhesus
18E3
18E3.002
18E3.003
18E3.004
18E3.005
18E3.006
18E3.007
18E3.008

Fig. 14K

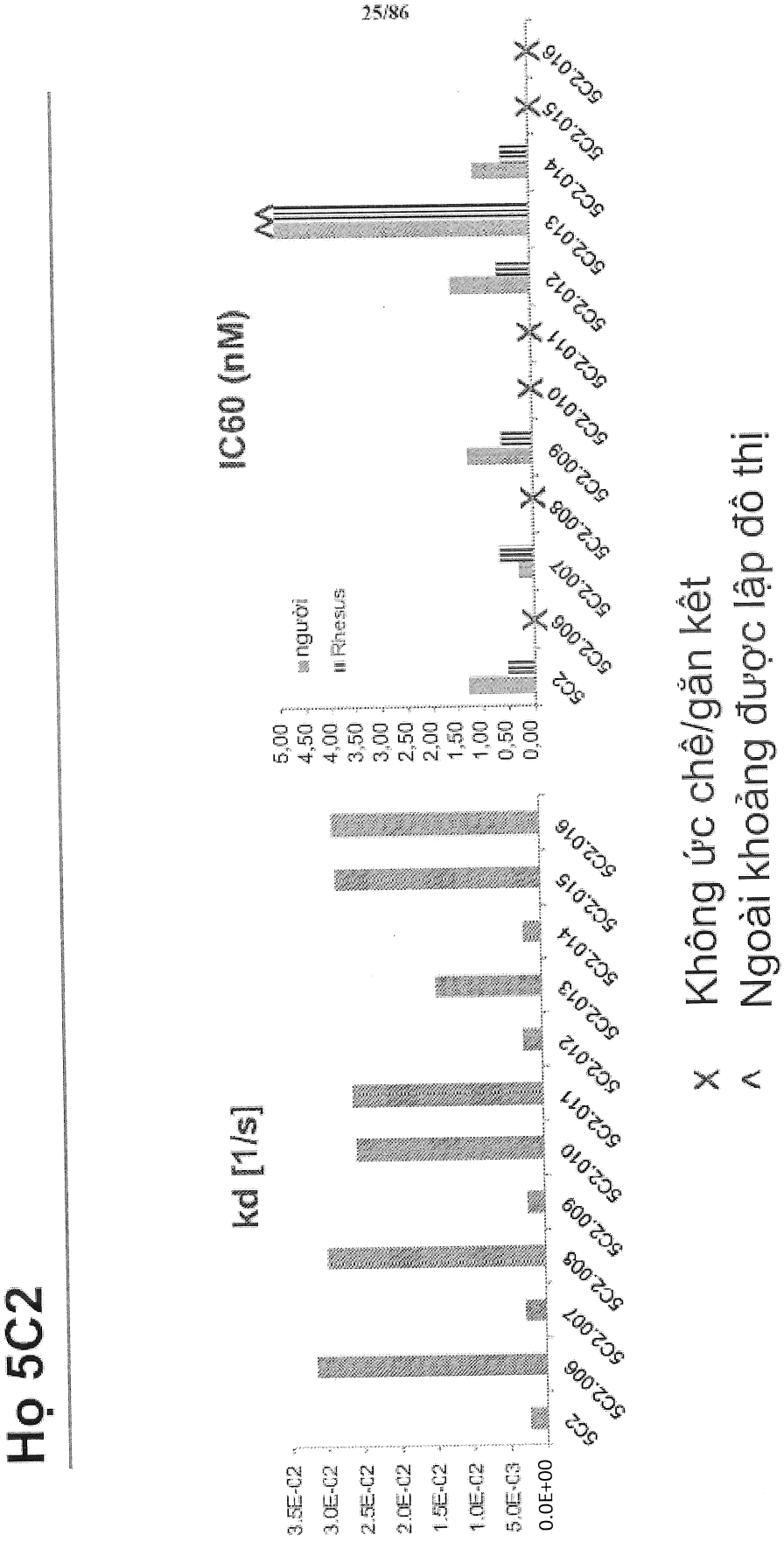

Họ 5C2
kd [1/s]
3.5E-02
3.0E-02
2.5E-02
2.0E-02
1.5E-02
1.0E-02
5.0E-03
0.0E+00
5C2
5C2.006
5C2.007
5C2.008
5C2.009
5C2.010
5C2.011
5C2.012
5C2.013
5C2.014
5C2.015
5C2.016
IC60 (nM)
người
Rhesus
5,00
4,50
4,00
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
5C2
5C2.006
5C2.007
5C2.008
5C2.009
5C2.010
5C2.011
5C2.012
5C2.013
5C2.014
5C2.015
5C2.016
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14L

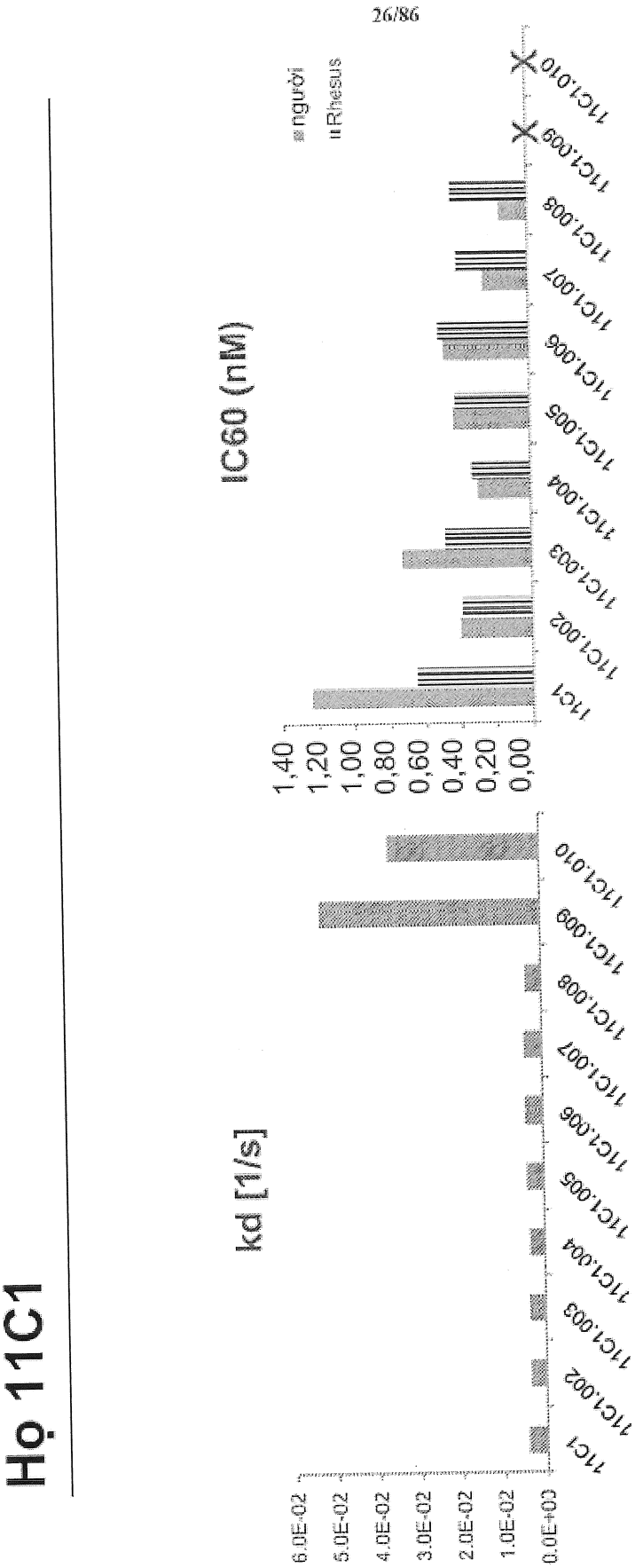

Họ 11C1
kd [1/s]
6.0E-02
5.0E-02
4.0E-02
3.0E-02
2.0E-02
1.0E-02
0.0E+00
11C1
11C1.002
11C1.003
11C1.004
11C1.005
11C1.006
11C1.007
11C1.008
11C1.009
11C1.010
IC60 (nM)
người
Rhesus
1,40
1,20
1,00
0,80
0,60
0,40
0,20
0,00
11C1
11C1.002
11C1.003
11C1.004
11C1.005
11C1.006
11C1.007
11C1.008
11C1.009
11C1.010
x Không ức chế/gắn kết

Fig. 14M

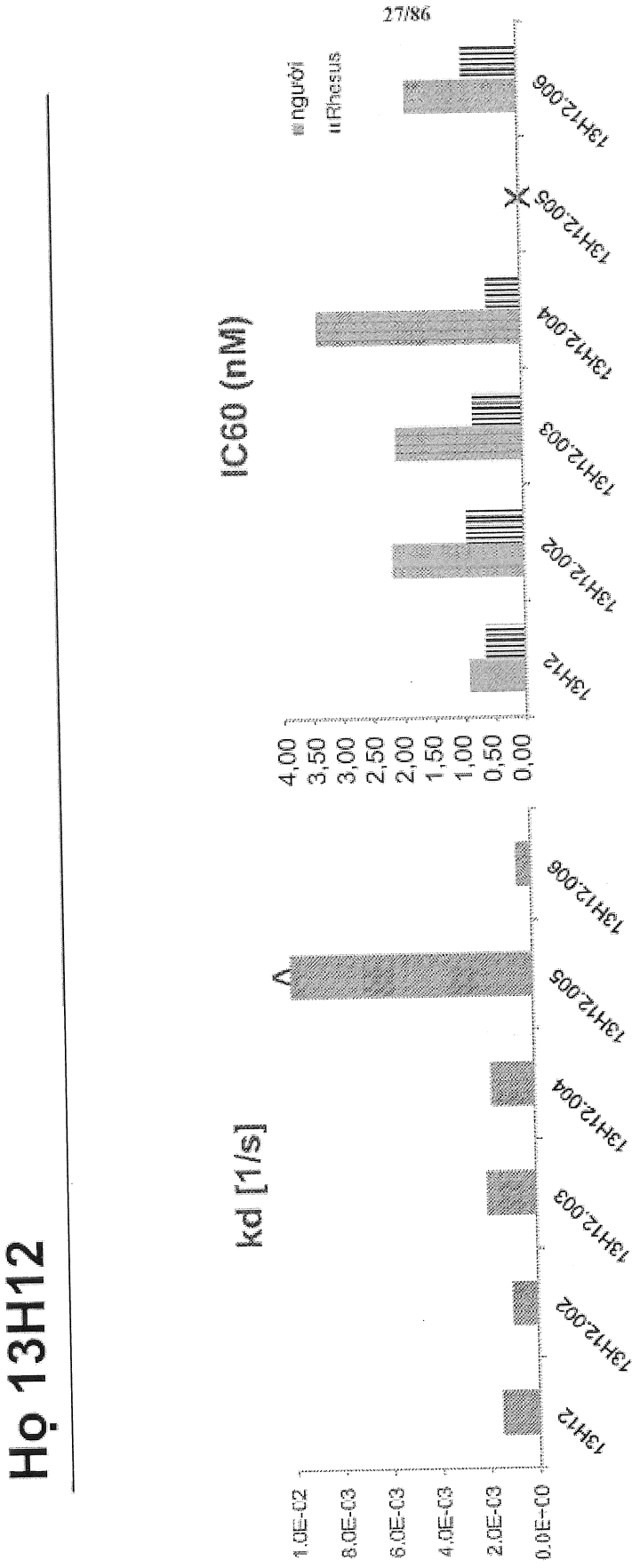

Họ 13H12
kd [1/s]
1.0E-02
8.0E-03
6.0E-03
4.0E-03
2.0E-03
0.0E-00
13H12
13H12.002
13H12.003
13H12.004
13H12.005
13H12.006
IC60 (nM)
4,00
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
13H12
13H12.002
13H12.003
13H12.004
13H12.005
13H12.006
người
Rhesus
27/86
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14N

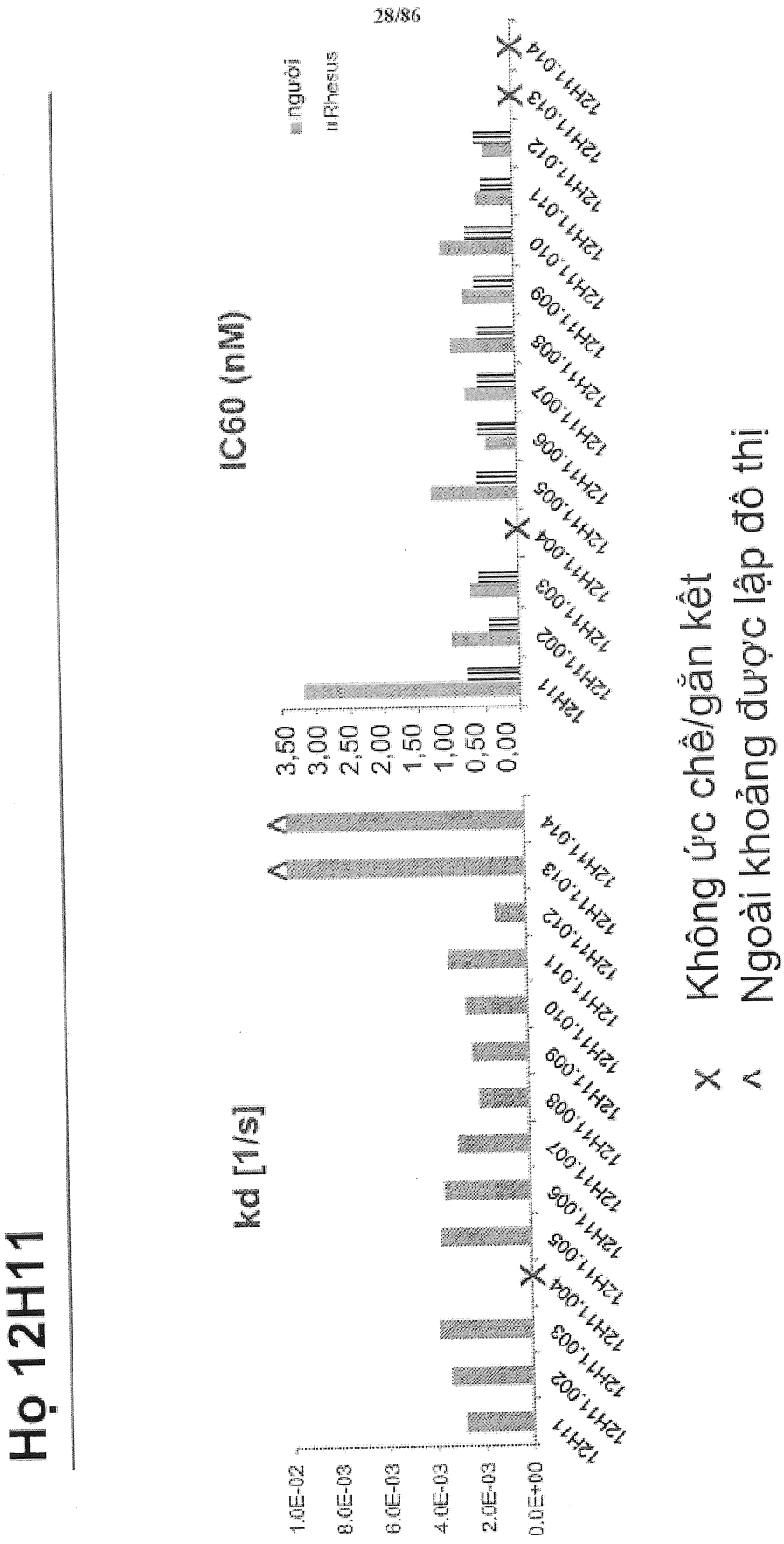

Họ 12H11
kd [1/s]
1.0E-02
8.0E-03
6.0E-03
4.0E-03
2.0E-03
0.0E+00
IC60 (nM)
người
Rhesus
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
12H11
12H11.002
12H11.003
12H11.004
12H11.005
12H11.006
12H11.007
12H11.008
12H11.009
12H11.010
12H11.011
12H11.012
12H11.013
12H11.014
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14O

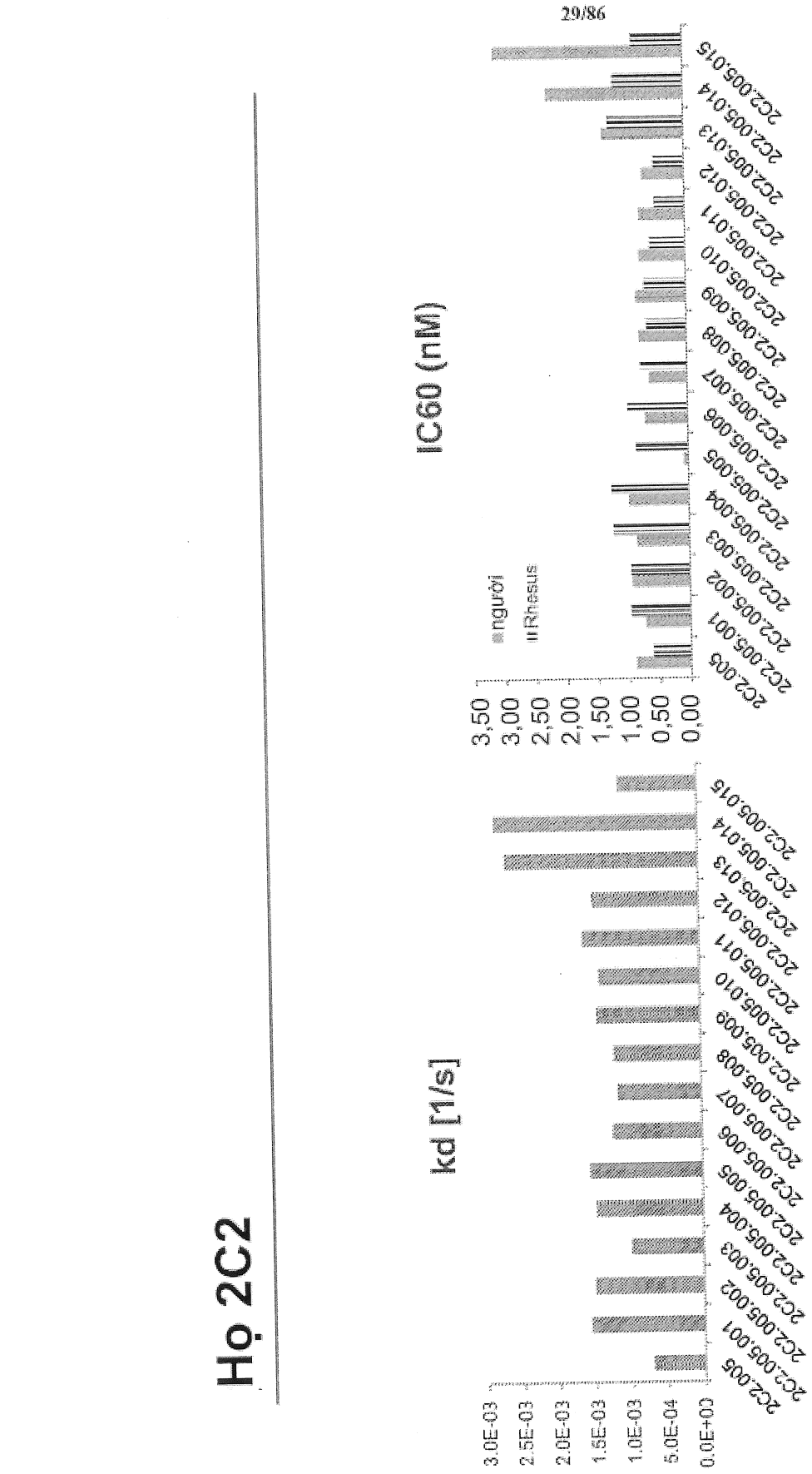

Họ 2C2
kd [1/s]
3.0E-03
2.5E-03
2.0E-03
1.5E-03
1.0E-03
5.0E-04
0.0E+00
2C2.005
2C2.005.001
2C2.005.002
2C2.005.003
2C2.005.004
2C2.005.005
2C2.005.006
2C2.005.007
2C2.005.008
2C2.005.009
2C2.005.010
2C2.005.011
2C2.005.012
2C2.005.013
2C2.005.014
2C2.005.015
IC60 (nM)
3,50
3,00
2,50
2,00
1,50
1,00
0,50
0,00
người
Rhesus
2C2.005
2C2.005.001
2C2.005.002
2C2.005.003
2C2.005.004
2C2.005.005
2C2.005.006
2C2.005.007
2C2.005.008
2C2.005.009
2C2.005.010
2C2.005.011
2C2.005.012
2C2.005.013
2C2.005.014
2C2.005.015

Fig. 14P

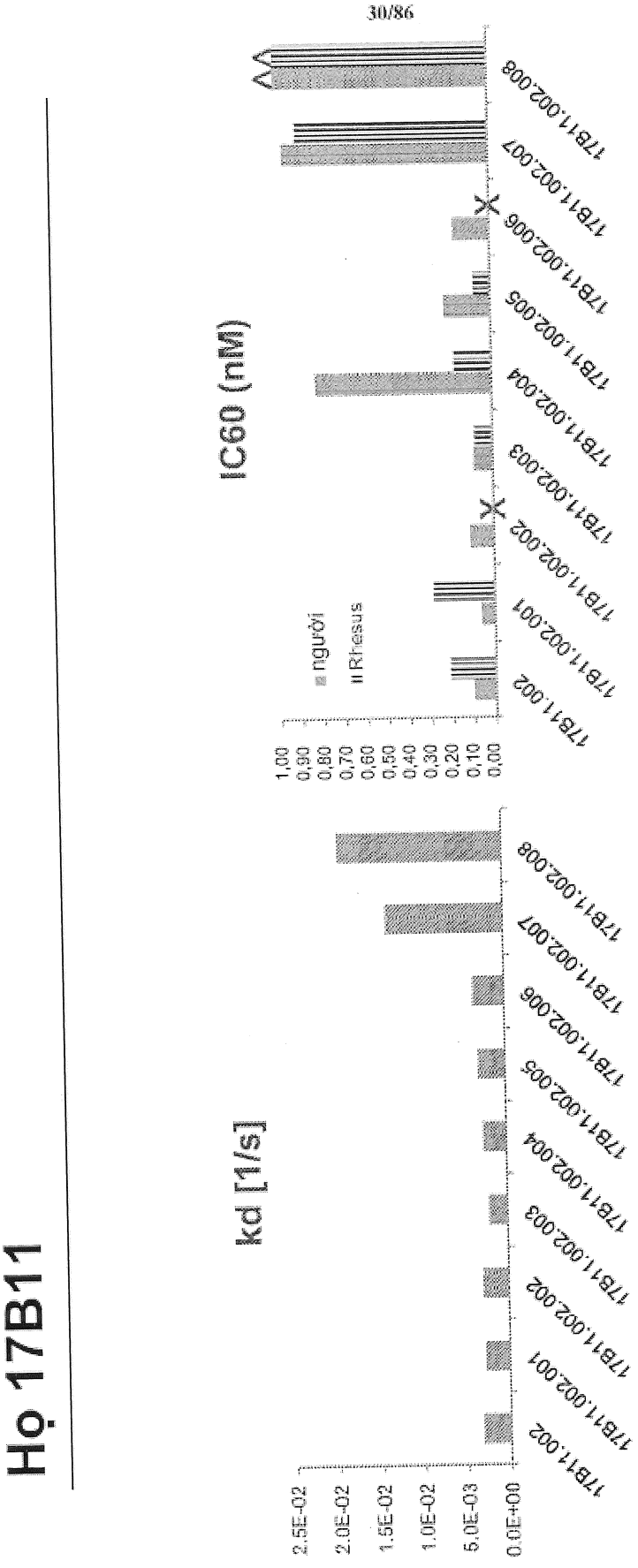

Họ 17B11
kd [1/s]
2.5E-02
2.0E-02
1.5E-02
1.0E-02
5.0E-03
0.0E+00
17B11.002
17B11.002.001
17B11.002.002
17B11.002.003
17B11.002.004
17B11.002.005
17B11.002.006
17B11.002.007
17B11.002.008
IC60 (nM)
1,00
0,90
0,80
0,70
0,60
0,50
0,40
0,30
0,20
0,10
0,00
người
Rhesus
17B11.002
17B11.002.001
17B11.002.002
17B11.002.003
17B11.002.004
17B11.002.005
17B11.002.006
17B11.002.007
17B11.002.008
X Không ức chế/gắn kết
^ Ngoài khoảng được lập đồ thị

Fig. 14Q

Họ 16H1 gắn kết với ECD huGIPR

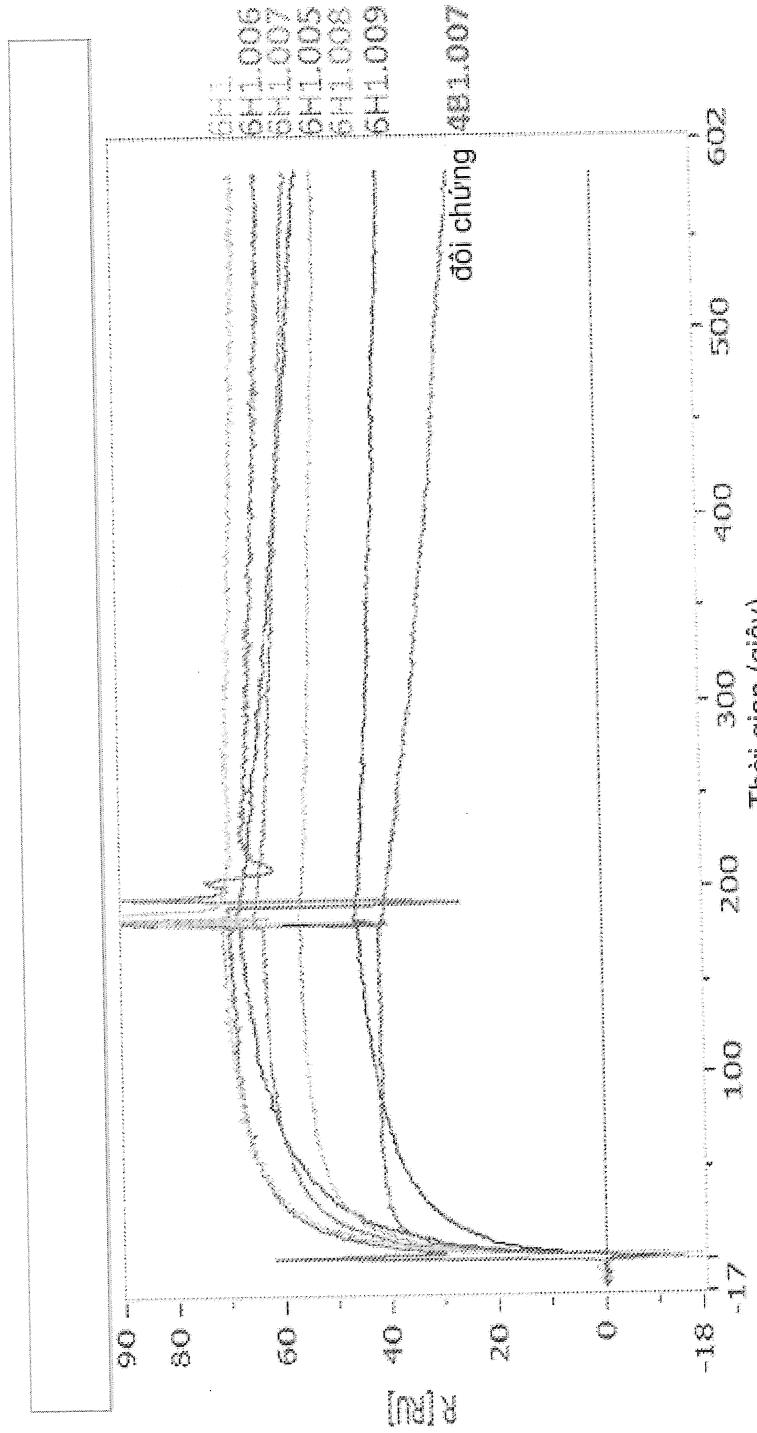


Fig. 15

Thử nghiệm dược lực học trên chuột nhắt để thử nghiệm các kháng thể kháng GIPR - Thiết kế nghiên cứu

- Chuột nhắt: C57BL/6 bị béo phì do chế độ ăn do Jaclson Labs cung cấp, 18 tuần tuổi
- Thử nghiệm: Để thử nghiệm kháng thể kháng GIPR trong việc ức chế tiết insulin được cảm ứng bởi GIP ngoại sinh ([D-Ala2]-GIP) và glucoza
- Thông số phân tích
  - Insulin (T=0, 30 phút từ liều [D-Ala2]-GIP và glucoza)
  - Glucoza (T=0, 60 phút từ liều [D-Ala2]-GIP và glucoza)
- Nhóm nghiên cứu
  - Đối chứng âm: chất dẫn, [D-Ala2]-GIP (50nmol/kg)
  - Kháng thể kháng 5G12.006 ở liều 0,008, 0,04, 0,2, 1, 5mg/kg
  - Đối chứng dương: Chất dẫn, không có [D-Ala2]-GIP

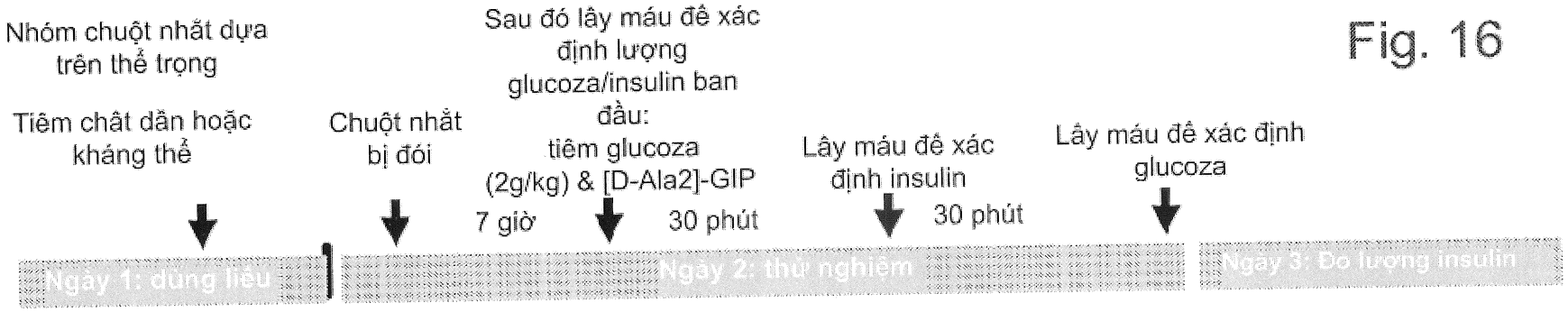
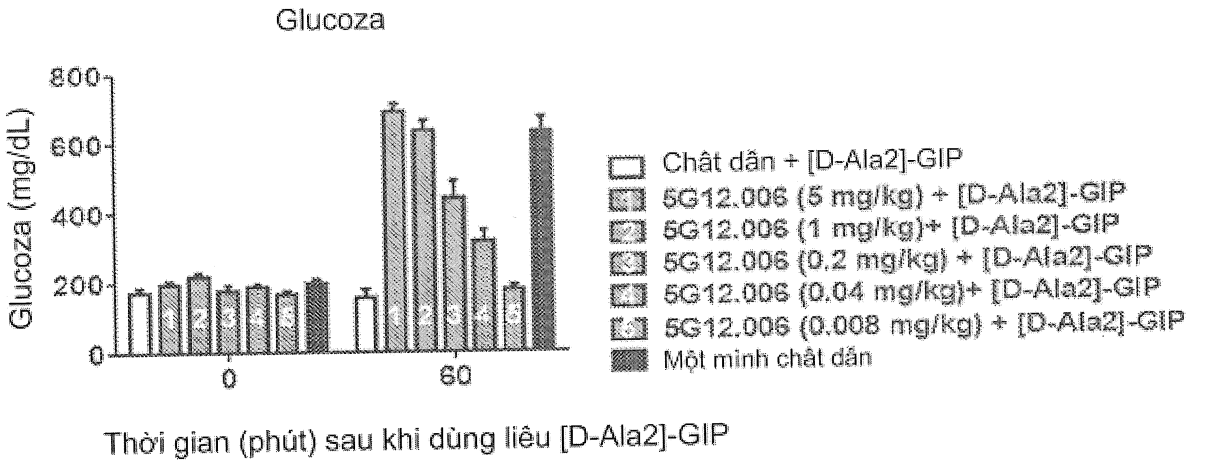


Fig. 16

Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 gây đối kháng quá trình tiết insulin được cảm ứng bởi GIP



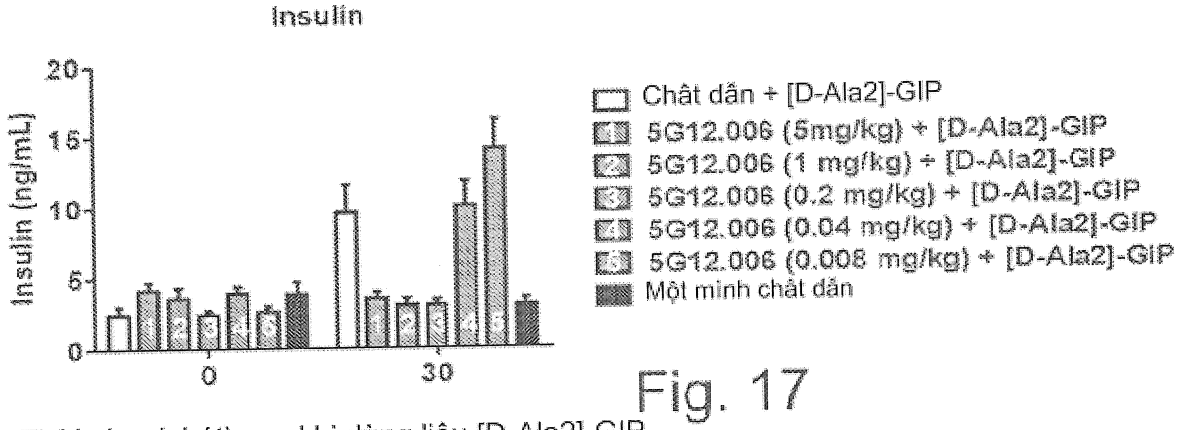


Fig. 17

Điều trị mạn tính chuột nhắt bị béo phì do chế độ ăn bằng kháng thể kháng GIPR 5G12.006 - Thiết kế nghiên cứu

* Chuột nhắt đực C57BL/6 bị béo phì do chế độ ăn (Jackson Lab), 18 tuần tuổi khi bắt đầu điều trị (được nuôi theo chế độ ăn giàu chất béo trong 12 tuần)
* Chuột nhắt được lấy ngẫu nhiên dựa trên thể trọng
* Chuột nhắt được cho dùng liều mỗi tuần trong 4 tuần
* Thể trọng được ghi lại hai lần một tuần; lượng glucoza khi không để đói được đo vào ngày 18 và lượng insulin khi đói được đo vào ngày 29
* Máu ở thời điểm kết thúc nghiên cứu được lấy để đo tổng lượng cholesterol và triglyxerit
* Thử nghiệm dung nạp glucoza qua đường trong màng bụng (IPGTT) với 1g/kg glucoza được tiến hành vào ngày 25 với 4 giờ để đói
* Sau 4 tuần, nghiên cứu được kết thúc sau khi để đói 4 giờ. Các mẫu huyết thanh được thu gom và gan được xác định trọng lượng

13/86

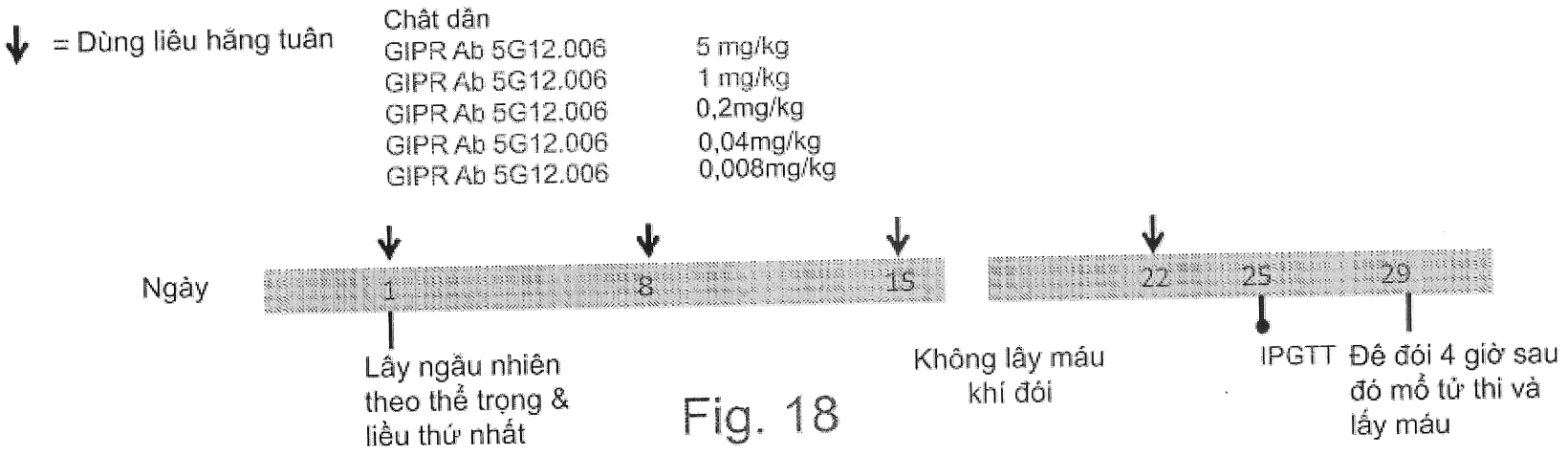


Fig. 18

Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm sự tăng thể trọng

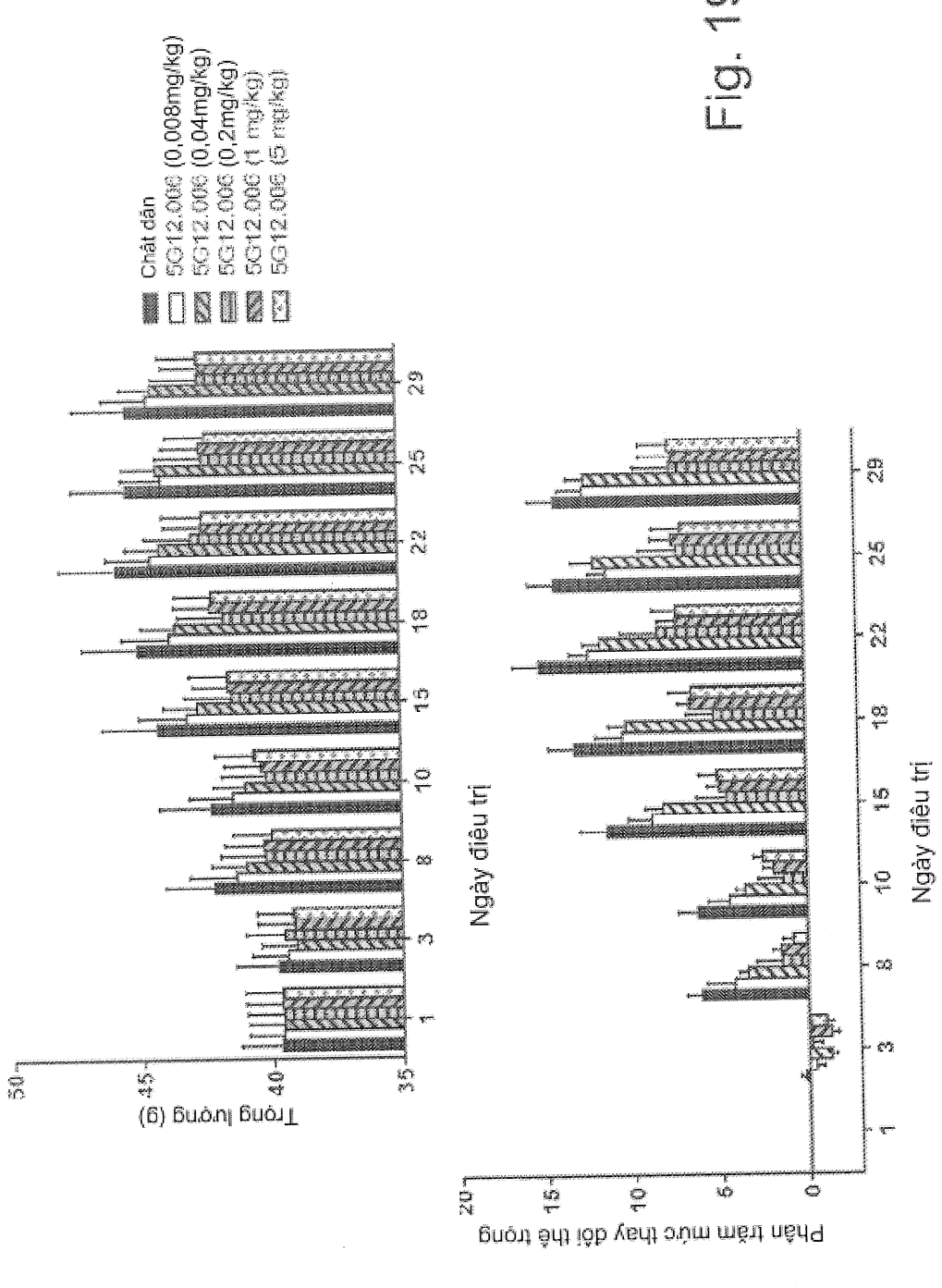


Fig. 19

Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 giúp cải thiện khả năng dung nạp glucoza

Fig. 20

Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm lượng insulin và glucoza

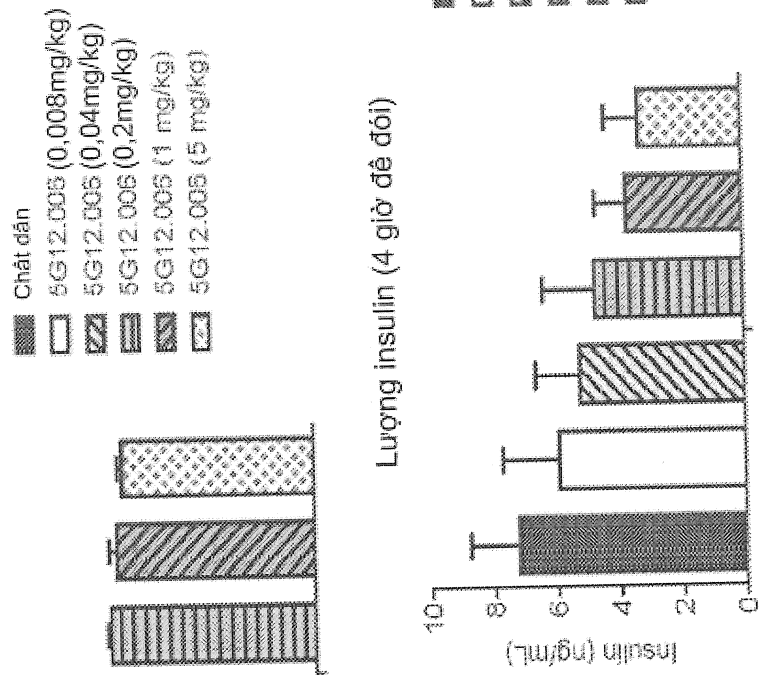


Fig. 21

Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm khối lượng gan
Khối lượng gan
Trọng lượng gan (g)
2,5
2,0
1,5
1,0
0,5
0,0
Chất dẫn
5G12.006 (0,008mg/kg)
5G12.006 (0,04mg/kg)
5G12.006 (0,2mg/kg)
5G12.006 (1 mg/kg)
5G12.006 (5 mg/kg)

Fig. 22

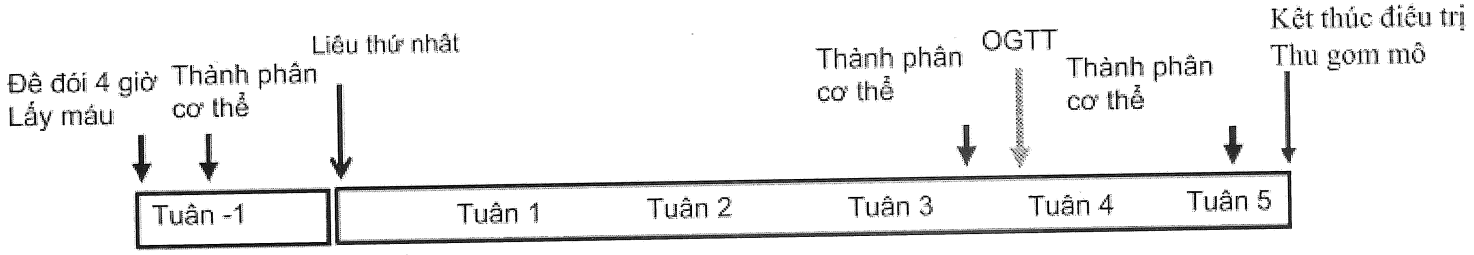
Kháng thể kháng GIPR 5G12.006 làm giảm tổng lượng cholesterol

Fig. 23

Điều trị chuột nhắt bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide - thiết kế nghiên cứu

* Chuột nhắt: DIO C57BL/6 từ Jackson Labs, 35 tuần tuổi (được nuôi theo chế độ ăn giàu chất béo trong 29 tuần) khi bắt đầu nghiên cứu
* Nhóm và chất điều trị, N=10/nhóm, thể tích liều là 5ml/kg, thời gian nghiên cứu điều trị là 5 tuần
    - A. Chất dẫn, hằng ngày
    - B. mAb kháng GIPR 2.63.1, 30mg/kg, hai lần một tuần
    - C. Liraglutide, 0,3mg/kg, một lần một ngày
    - D. mAb kháng GIPR 2.63.1 (30mg/kg, hai lần một tuần) + Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày)
* Quy trình:
    * Ngày -10: để đói 4 giờ, phân tích thể trọng, glucoza và huyết thanh
    * Ngày -7 đến ngày -1: Thích nghi với việc dùng liều chất dẫn hằng ngày đối với tất cả các nhóm
    * Ngày -6: Thành phần cơ thể
    * Ngày 1: Thể trọng, lập nhóm và dùng liều đầu
* Thông số phân tích hiệu quả:
    - Thể trọng hằng ngày
    - Khả năng hấp thu thức ăn
    - Đo thành phần cơ thể lúc bắt đầu và kết thúc
    - Lượng glucoza, insulin, OGTT và lipit trong huyết thanh khi kết thúc điều trị

Fig.24



Sự giảm thể trọng ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

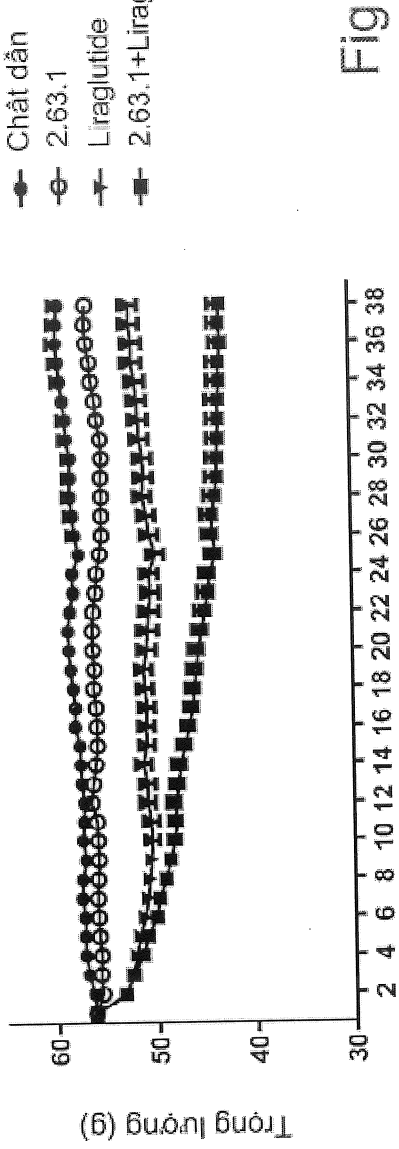
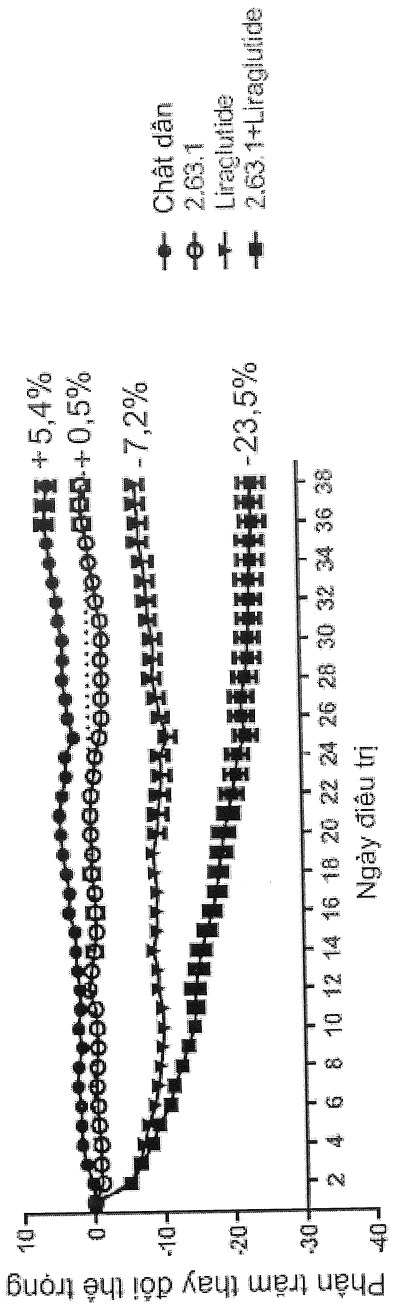


Fig. 25



Sự giảm khối lượng mỡ đáng kể ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

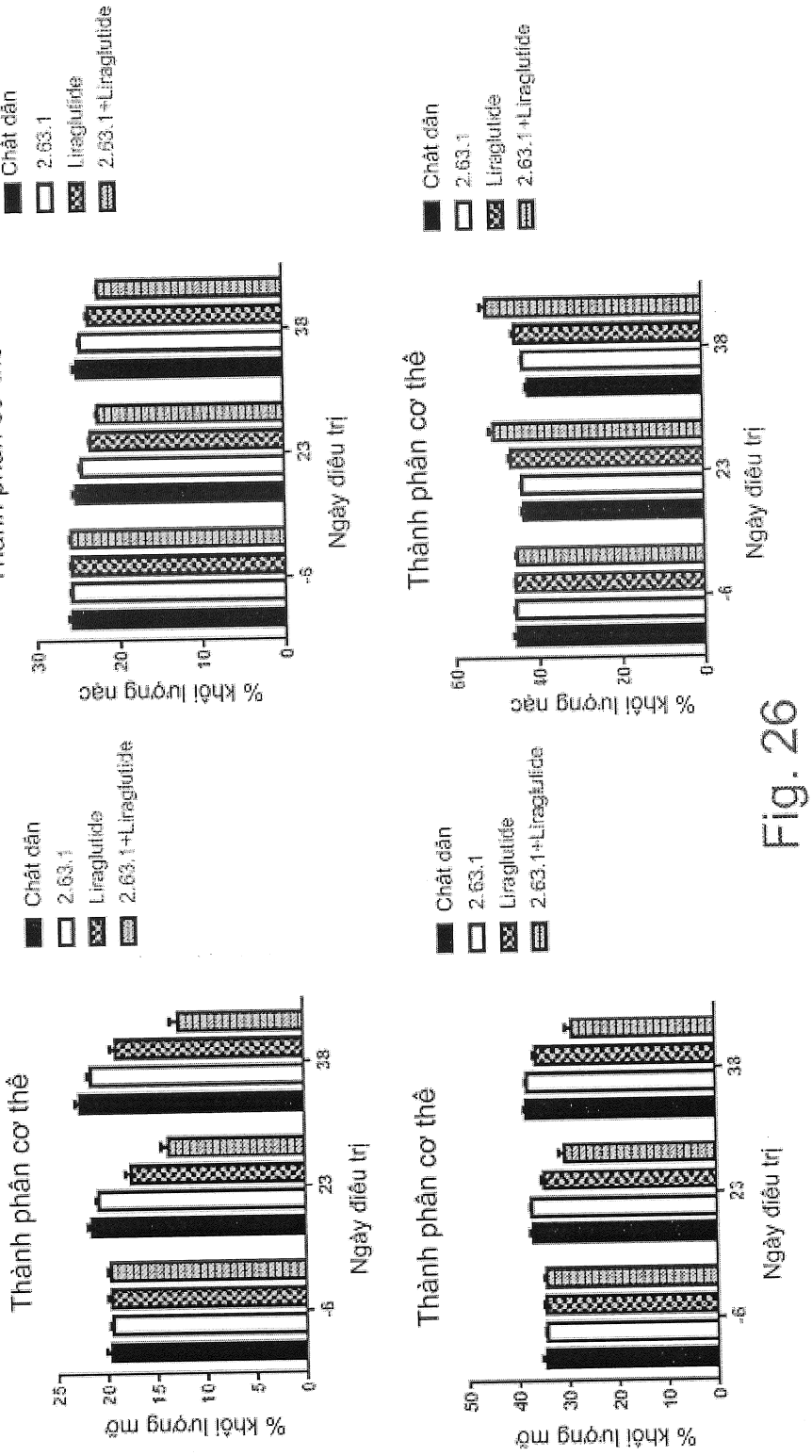
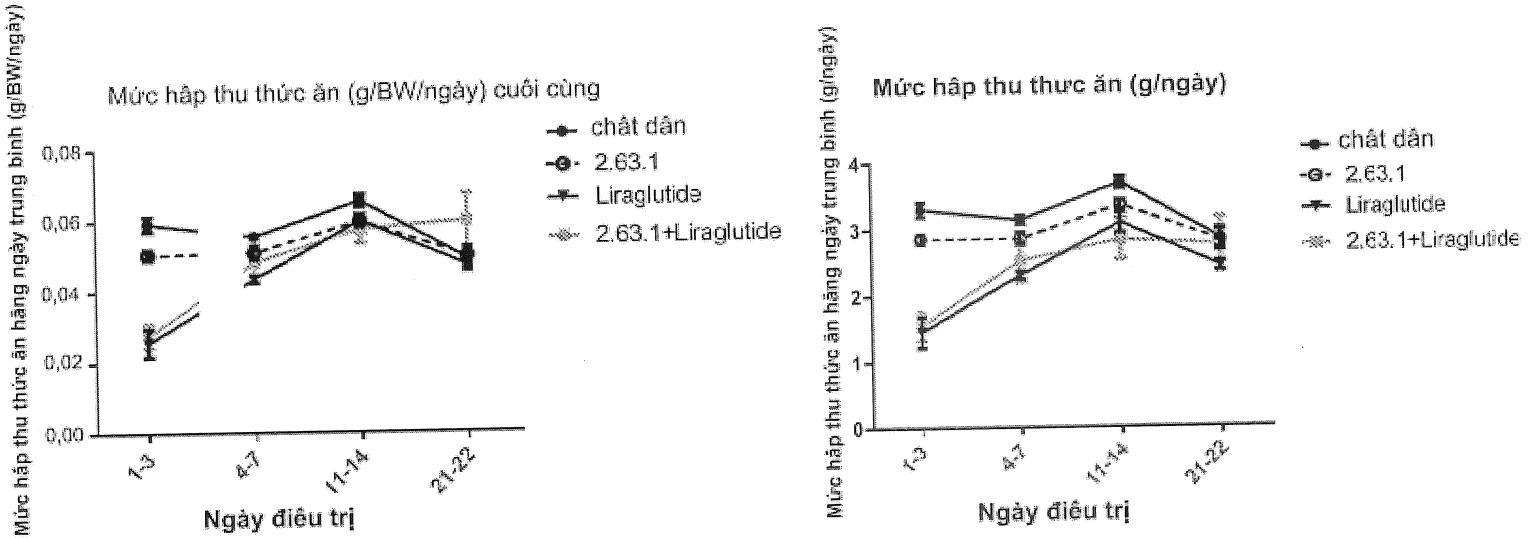


Fig. 26

Mức hấp thu thức ăn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide



Lưu ý:
Số liệu hấp thu thức ăn là thu được từ mỗi nhóm có số lượng con dưới đây
Chất dẫn: N = 6
2.63.1:N = 8
Liraglutide: N = 4
2.63.1 + Liraglutide: N = 3

Các con khác được thử với thức ăn trong một vài trong số các thời điểm và mức hấp thu thức ăn có thể không được do chính xác. Các con này không được bao gồm vào thử nghiệm

Fig. 27

Khối lượng gan, mỡ ở mào tinh hoàn và mỡ ở bẹn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

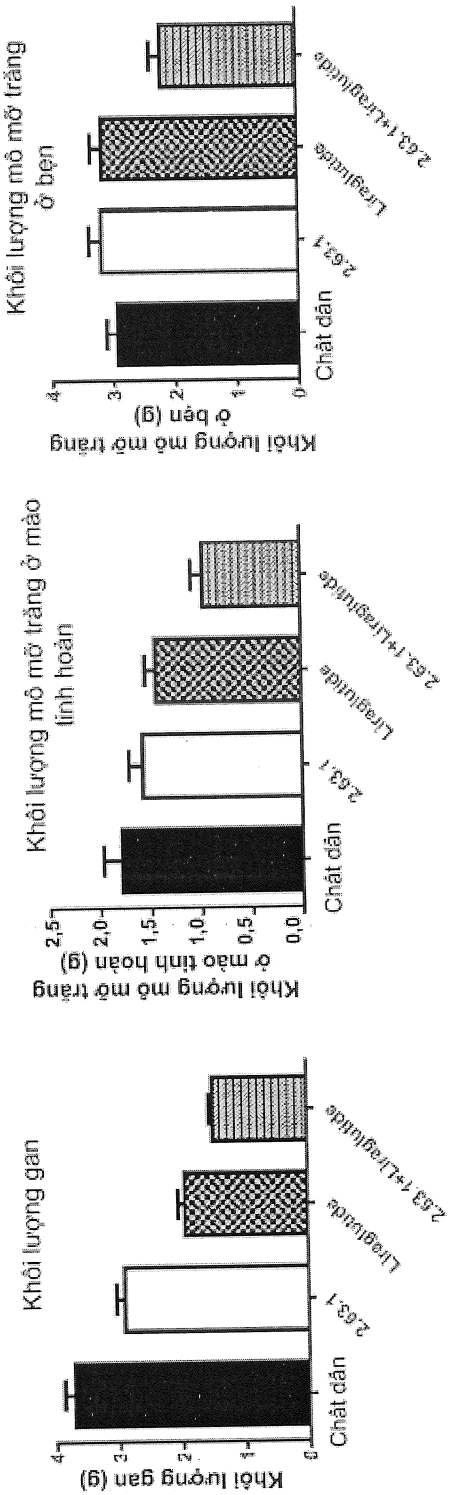


Fig. 28

Khả năng dung nạp glucoza ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

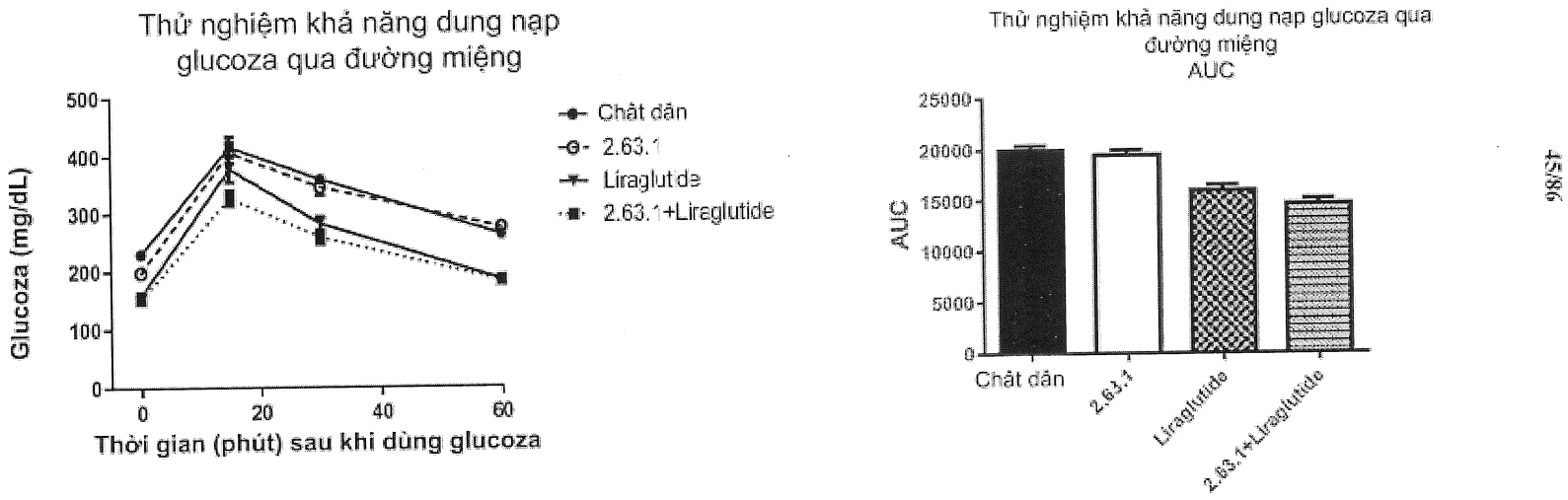


Fig. 29

Lượng glucoza trong máu ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

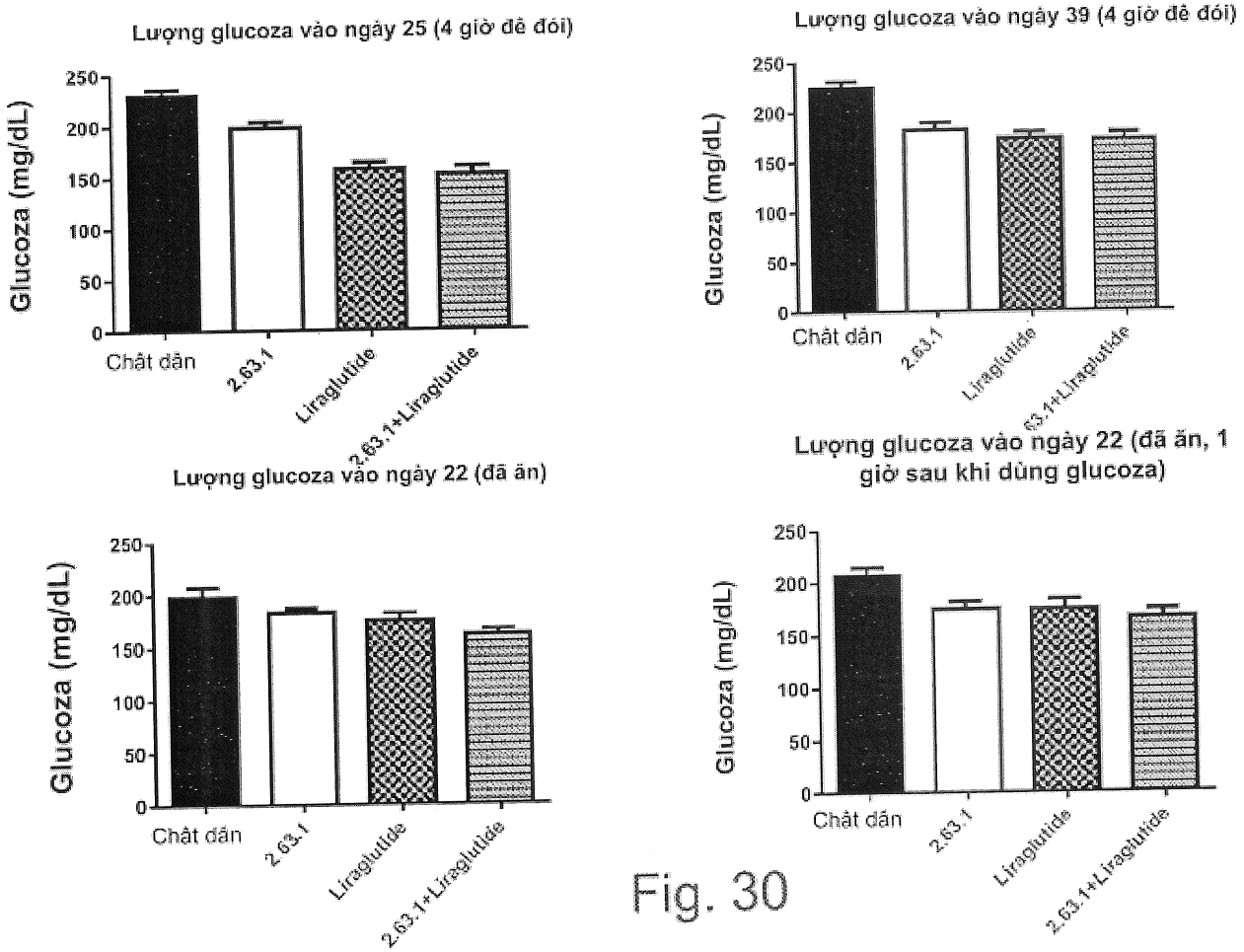


Fig. 30

Lượng insulin trong huyết tương ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

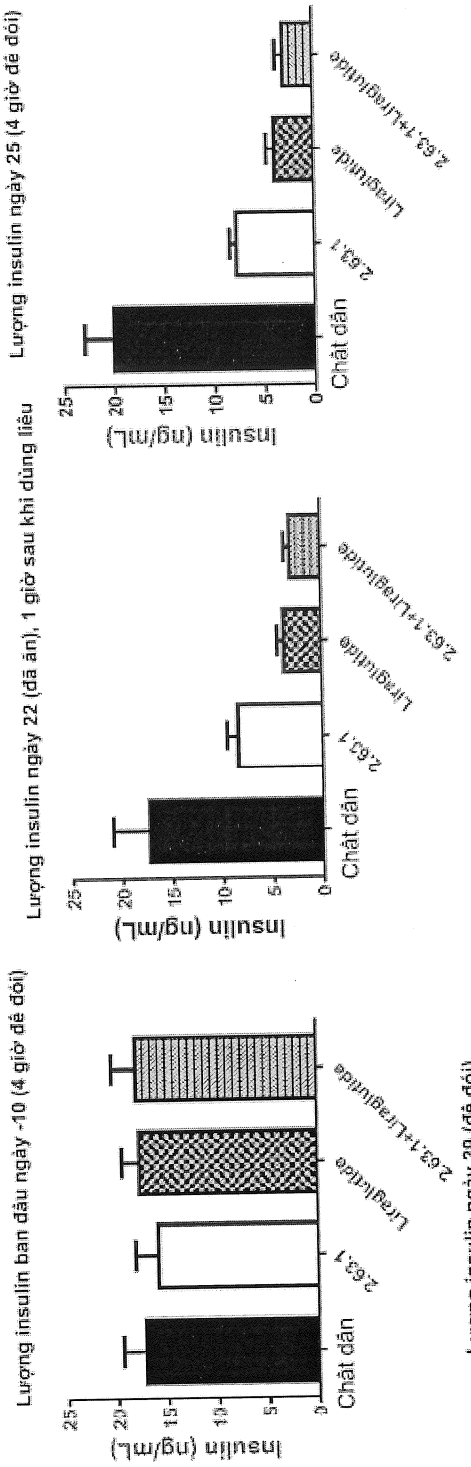


Fig. 31

Tổng lượng cholesterol trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

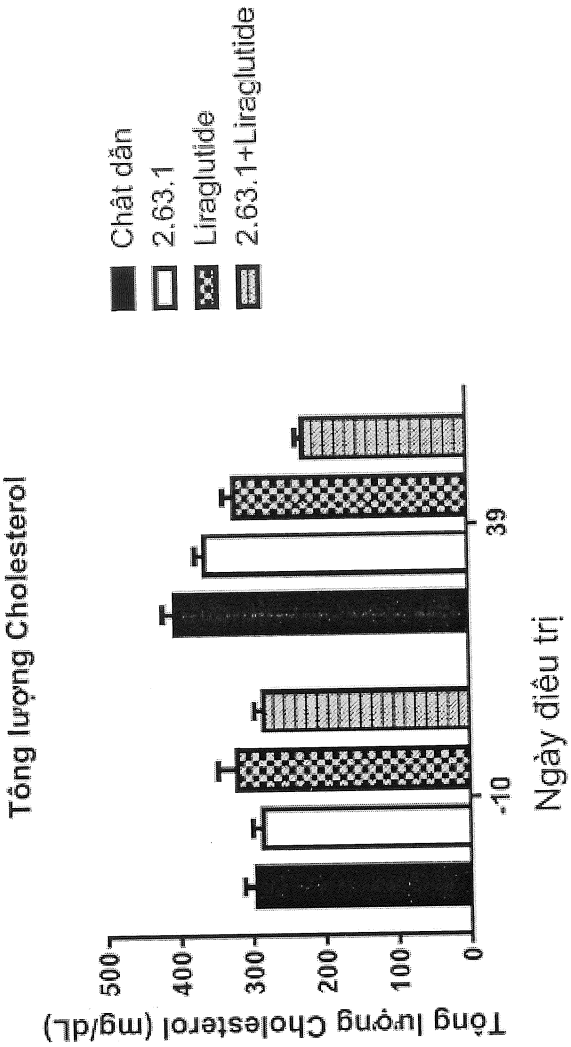


Fig. 32

Lượng Leptin trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig. 33

Lượng triglyxerit trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide

Fig. 34

Nghiên cứu trên chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

* Chuột nhắt: DIO C57BL/6 từ Jackson Labs, 37 tuần tuổi (được nuôi theo chế độ ăn giàu chất béo trong 31 tuần) khi bắt đầu nghiên cứu
* Nhóm và chất điều trị, N=8/nhóm, thể tích liều là 5ml/kg
  - A. Chất dẫn
  - B. mAb kháng GIPR 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần)
  - C. Dulaglutide (1mg/kg, hai lần một tuần)
  - D. mAb kháng GIPR 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) + Dulaglutide (1mg/kg, hai lần một tuần)
  - E. Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày)
  - F. mAb kháng GIPR 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) + Liraglutide (0,3mg/kg, một lần một ngày)
  - G. Exedin IV (0,01mg/kg, một lần một ngày)
  - H. mAb kháng GIPR 2.63.1 (25mg/kg, một lần một tuần) + Exedin IV (0,01mg/kg, một lần một ngày)
* Quy trình:
  * Ngày -7 đến ngày -1: Thích nghi với việc dùng liều chất dẫn hằng ngày đối với tất cả các nhóm. Thể trọng, glucoza và huyết thanh (để đói 4 giờ)
  * Ngày 1: Thể trọng, lập nhóm và dùng liều đầu
* Thông số phân tích hiệu quả:
  - Thể trọng hằng ngày
  - Khả năng hấp thu thức ăn
  - Thành phần cơ thể lúc bắt đầu và kết thúc điều trị
  - Lượng glucoza, insulin, OGTT vào ngày 23

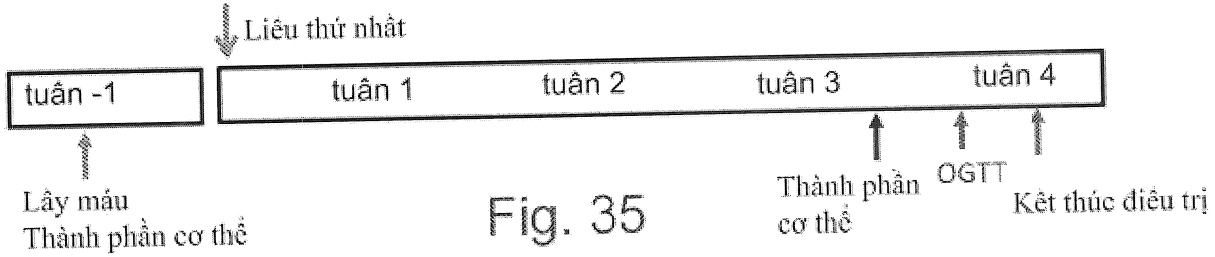


Fig. 35

Sự giảm thể trọng ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

Fig. 36

Khối lượng mỡ và nạc ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

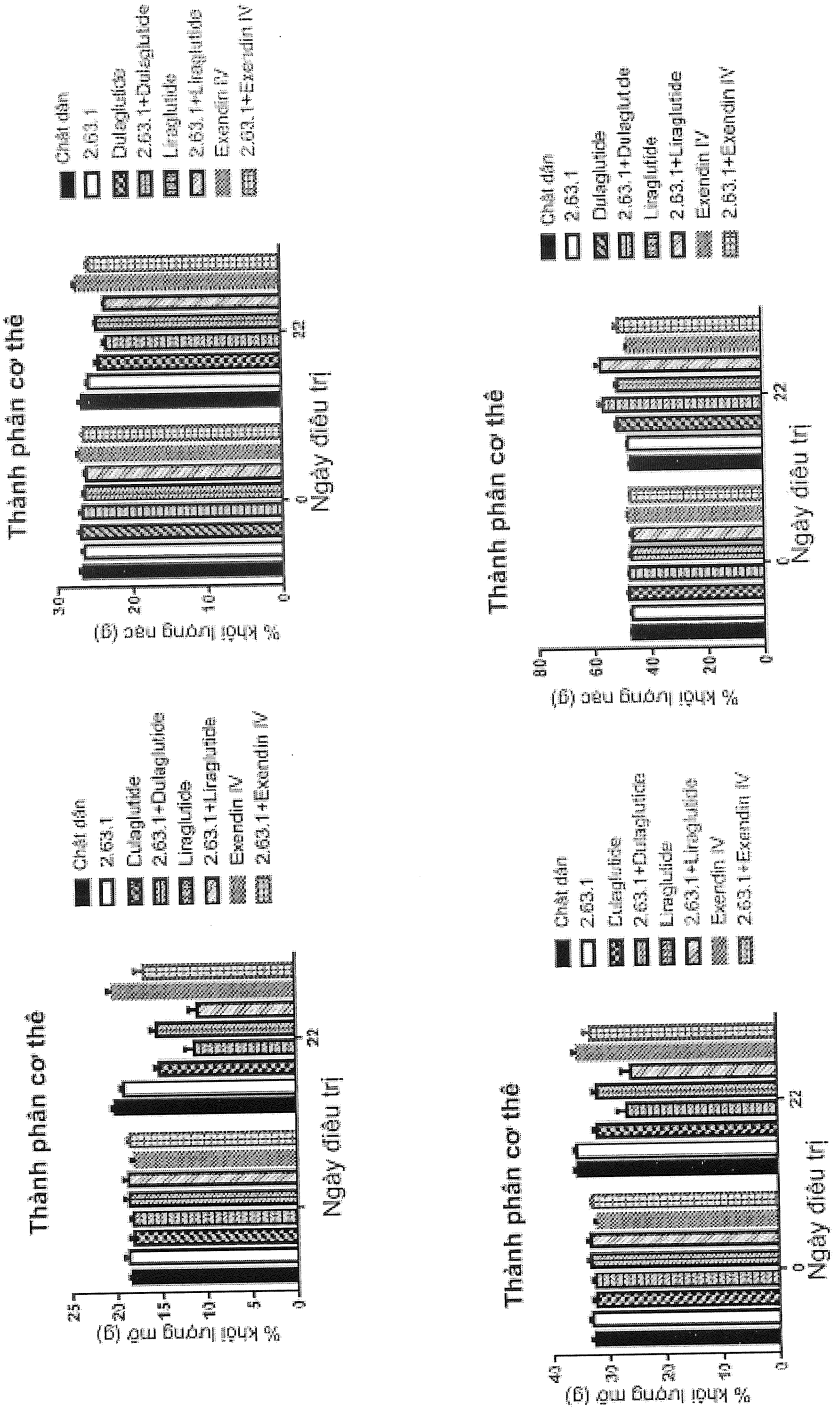
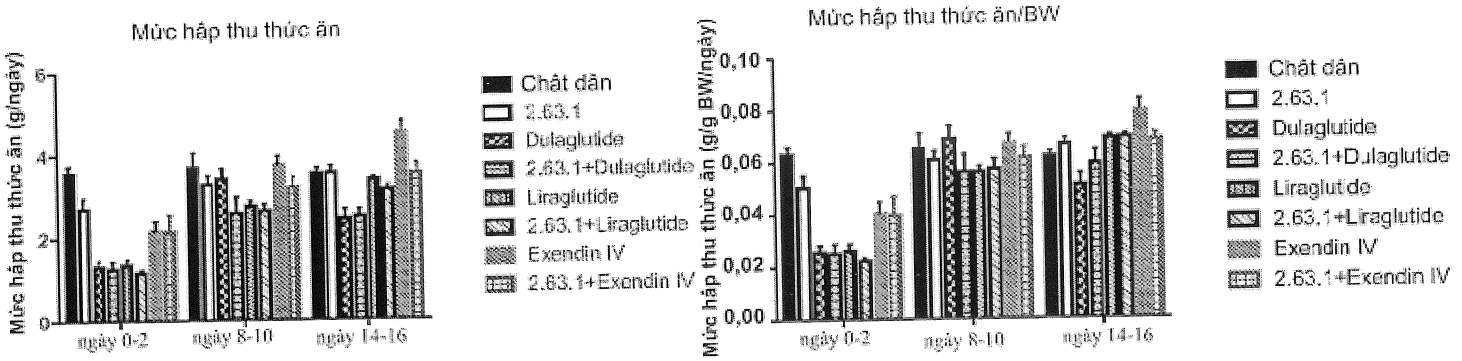


Fig. 37

Khả năng hấp thu thức ăn ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV



Số liệu hấp thu thức ăn thu được từ số các con chuột nhắt trong mỗi nhóm sau
Chất dẫn: N=6
2.63.1: N=6
Dulaglutide: N=8
2.63.1 + Dulaglutide: N=6
Liraglutide: N=6
2.63.1+Liraglutide: N=4
Exedin IV: N=7
2.63.1 + Exendin IV:N=4

Fig.38

Lượng insulin, lượng glucoza và khả năng dung nạp glucoza ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

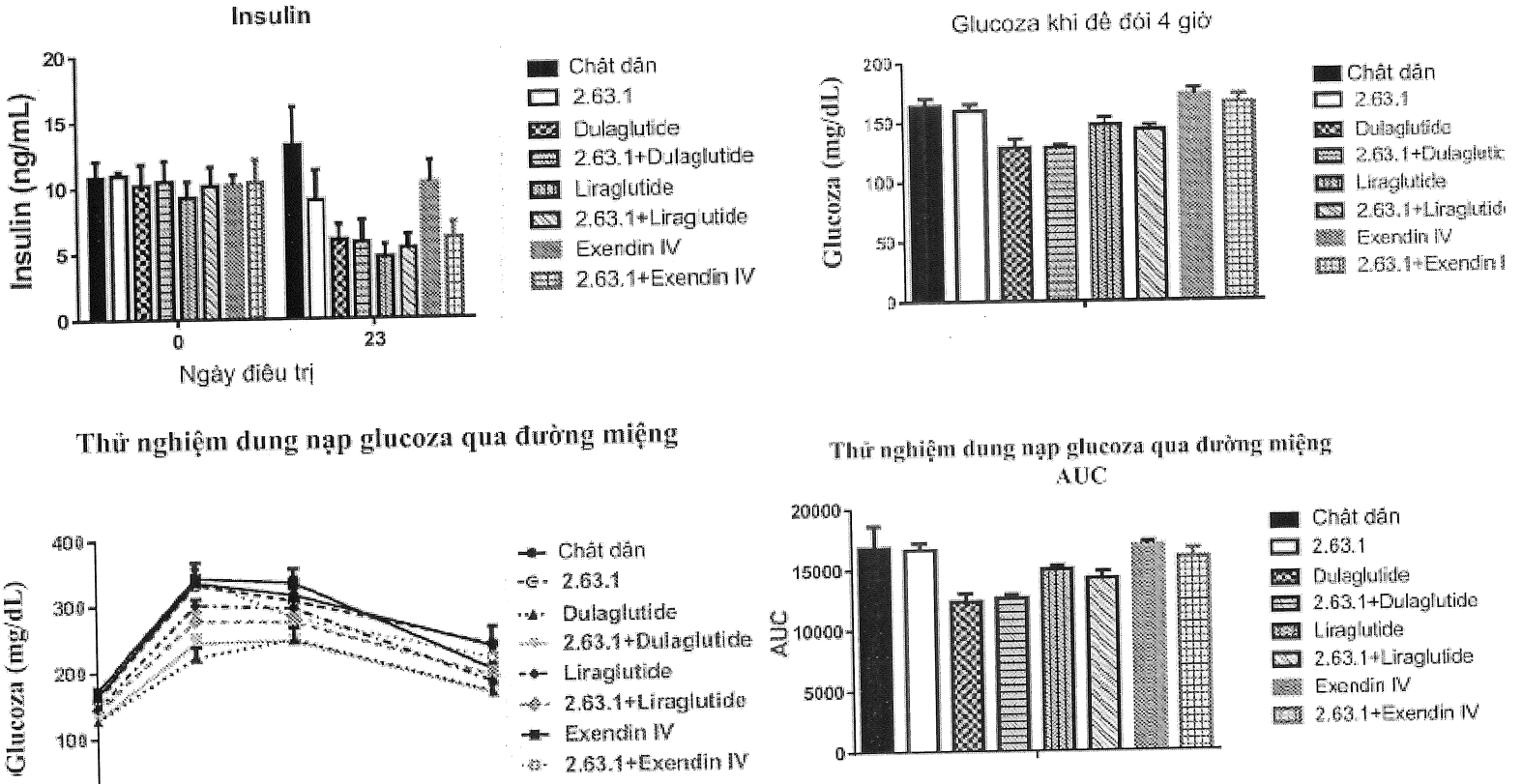


Fig. 39

Tổng lượng cholesterol và lượng triglyxerit trong huyết thanh ở chuột nhắt được điều trị bằng kháng thể kháng GIPR 2.63.1 kết hợp với Liraglutide, Dulaglutide hoặc Exendin IV

Fig. 40

Điều trị bằng kháng thể kháng GIPR ở chuột nhắt đã được điều trị trước bằng chất tương tự GLP-1 - Thiết kế nghiên cứu

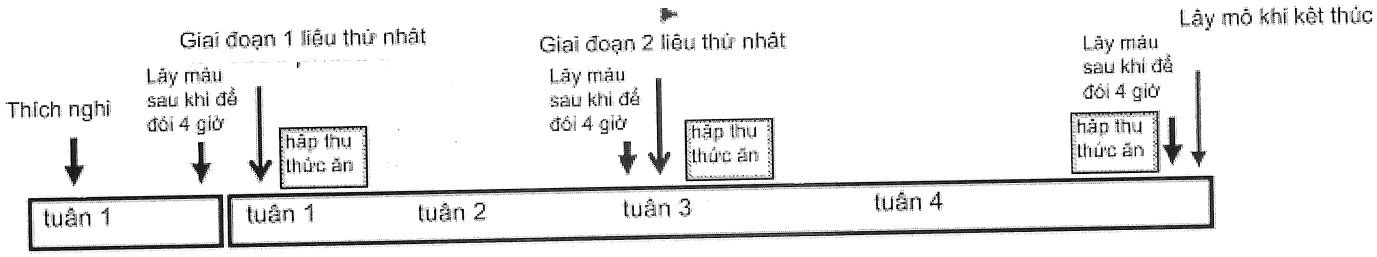
* Chuột nhắt: chuột nhắt đực Harlan C57BL/6 DIO, 17 tuần tuổi (được nuôi theo chế độ ăn giàu chất béo trong 13 tuần) lúc bắt đầu nghiên cứu
* Nhóm và điều trị, N=8/nhóm, thể tích liều là 4ml/kg, thời gian nghiên cứu là 4 tuần (mỗi giai đoạn 2 tuần)

Giai đoạn 1	Giai đoạn 2
- A. Dung dịch nước muối dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Dung dịch nước muối dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần
- B. Liraglutide 0,05mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,05mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần
- C. Liraglutide 0,05mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,05mg/kg dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 25mg/kg dùng hằng tuần
- D. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần
- E. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 1mg/kg dùng hằng tuần
- F. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 25mg/kg dùng hằng tuần
- G. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Dung dịch nước muối dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần
- H. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+chất dẫn dùng hằng tuần	▶ Dung dịch nước muối dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 25mg/kg dùng hằng tuần
- I. Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 25mg/kg dùng hằng tuần	▶ Liraglutide 0,3mg/kg dùng hằng ngày+Ab GIPR 2.63.1 25mg/kg dùng hằng tuần

57/86

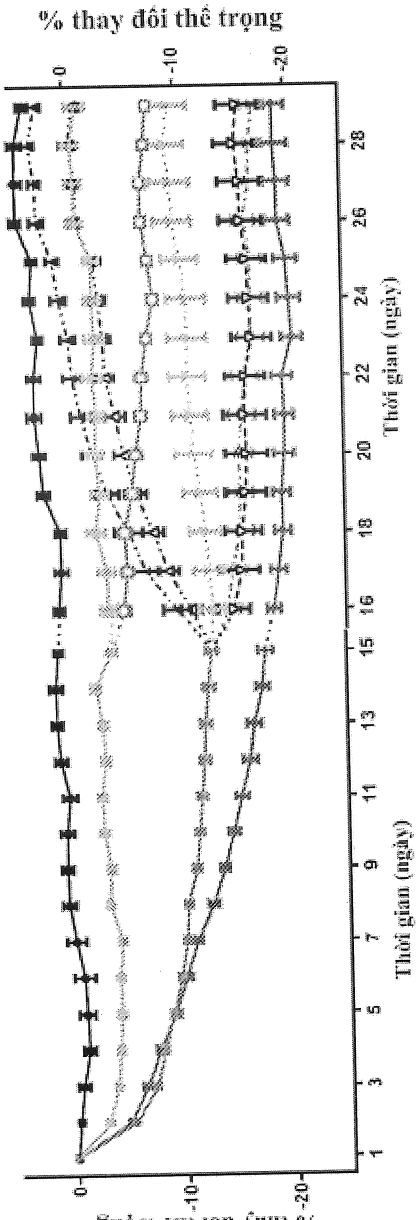
- Quy trình:
  - * Ngày -8 đến -1: thích nghi với việc dùng liều
  - * Ngày -1: lấy máu sau khi để đói 4 giờ, thể trọng
  - * Ngày -1: lấy ngẫu nhiên dựa trên thể trọng
  - * Ngày 1: giai đoạn 1 liều thứ nhất
  - * Ngày 1-3: 15-17, 25-27: đánh giá khả năng hấp thu thức ăn
  - * Ngày 14: lấy máu sau khi để đói 4 giờ trong hai tuần
  - * Ngày 15: giai đoạn 2 liều thứ nhất
  - * Ngày 28: lấy máu lần cuối sau khi để đói 4 giờ
  - * Ngày 29: Lấy mô khi kết thúc
- Các thông số phân tích
  - Thể trọng
  - Các hocmon của chuột nhắt, enzym gan, lượng lipit, glucoza và insulin
  - Khả năng hấp thu thức ăn

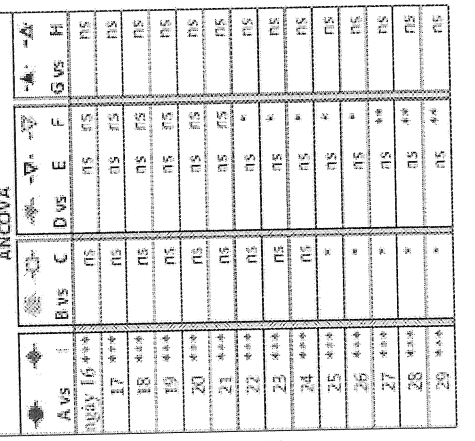
Fig. 41

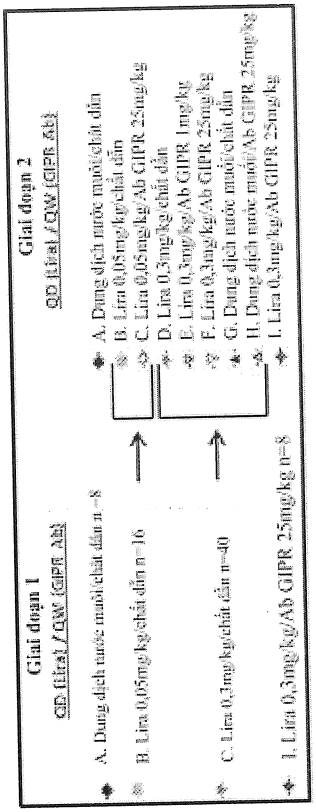


Thể trọng - các đồ thị kết hợp

Fig. 42A







Thể trọng - các đồ thị riêng rẽ

Fig. 42B

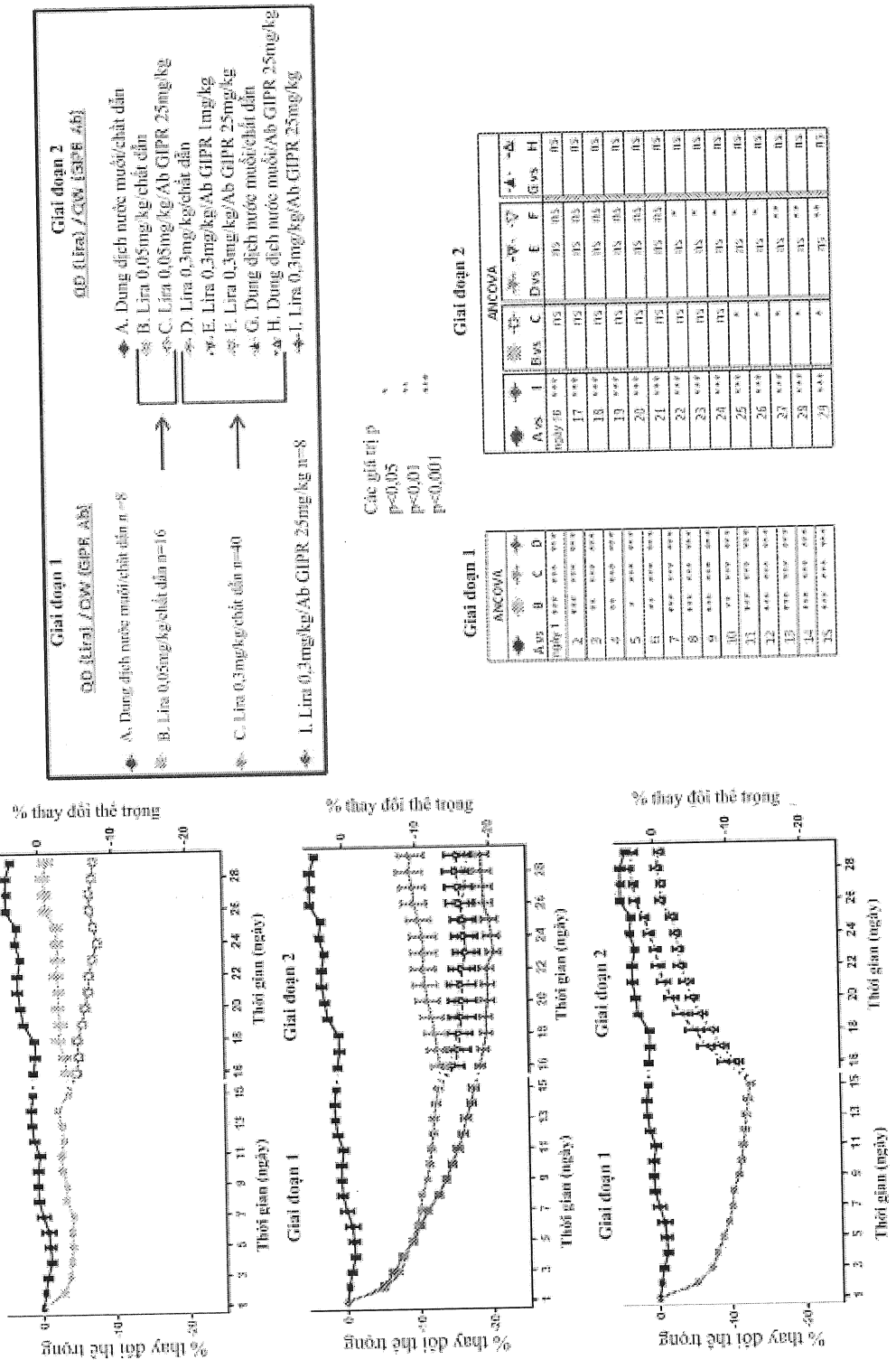


Fig. 43

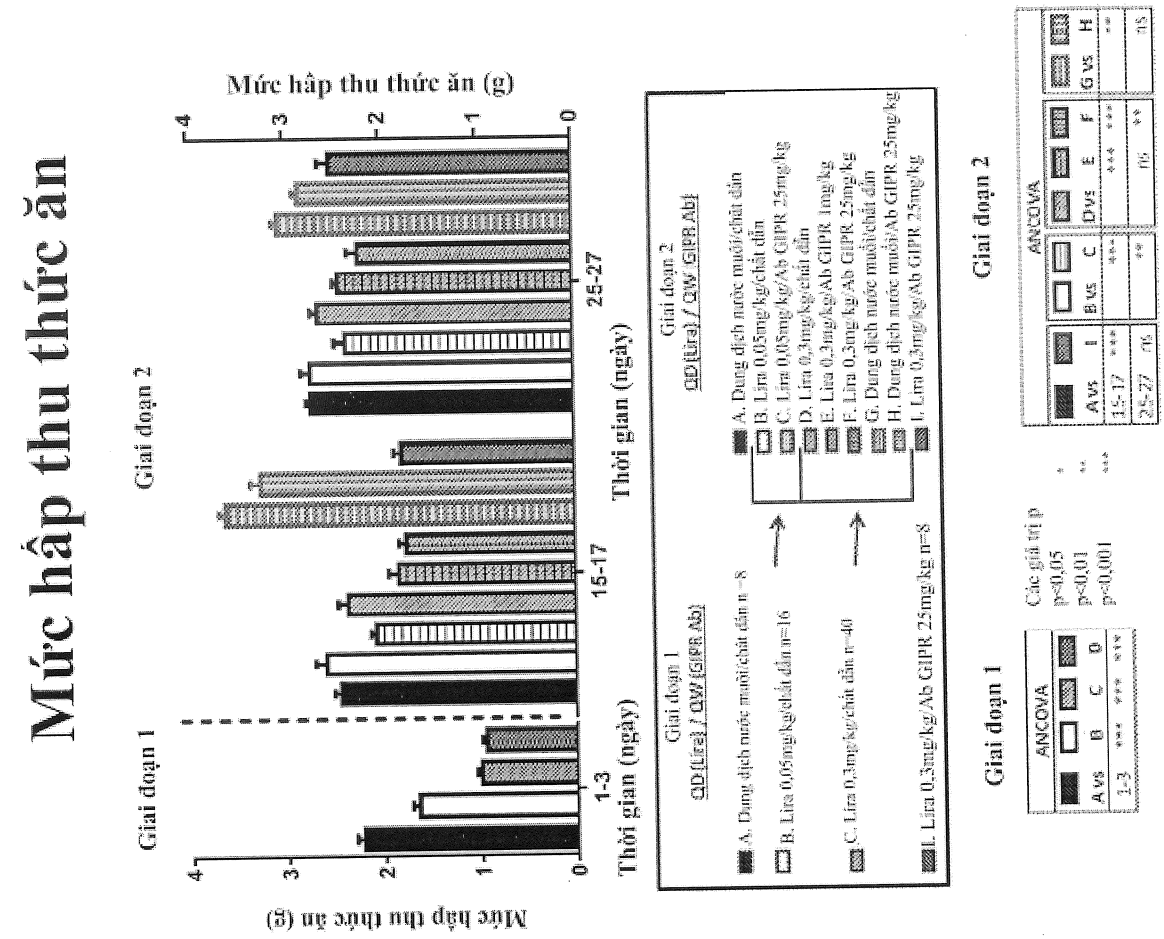
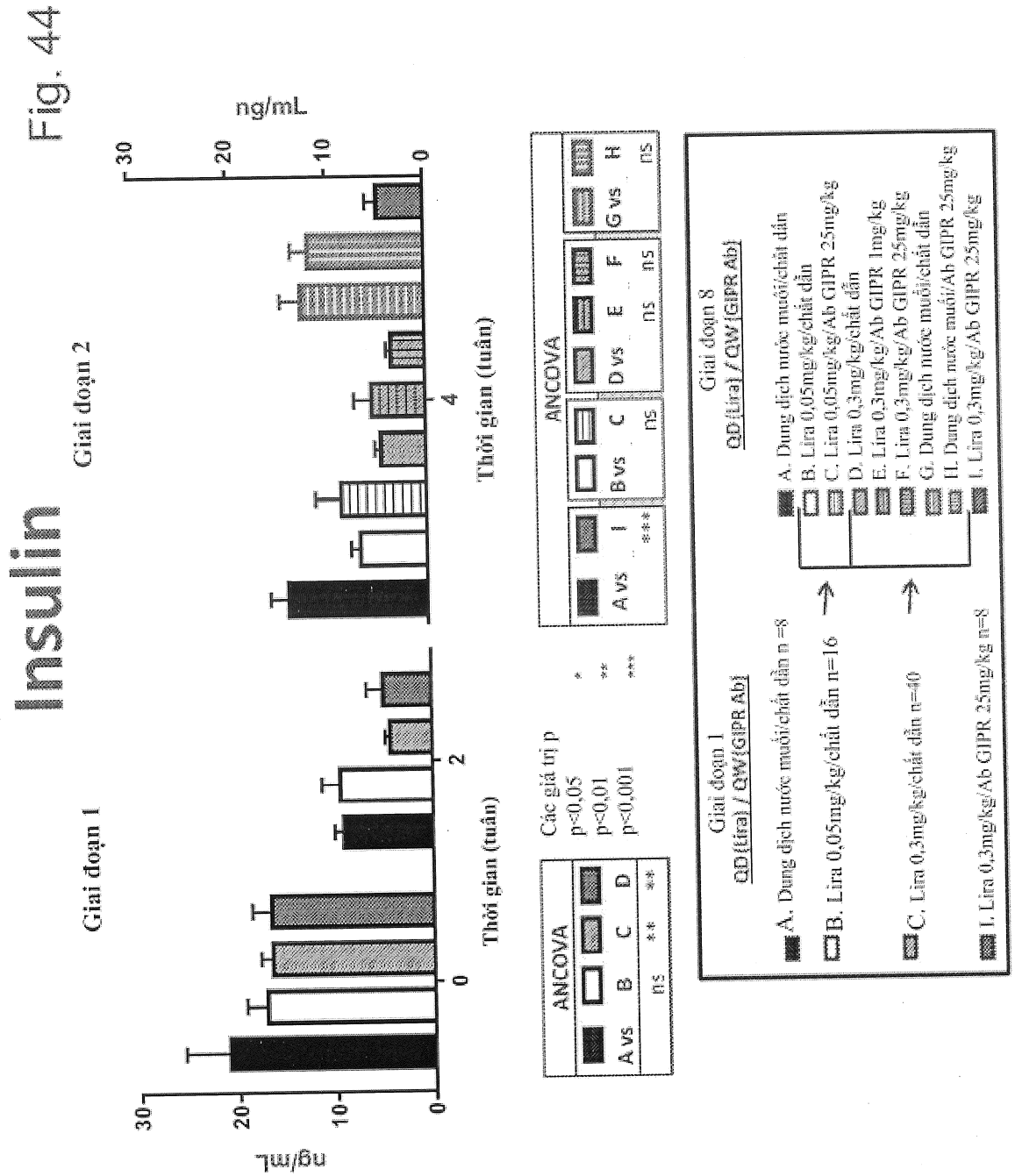

Mức hấp thu thức ăn
Giai đoạn 1
Giai đoạn 2
Mức hấp thu thức ăn (g)
Thời gian (ngày)
1-3
15-17
25-27
Giai đoạn 1
Giai đoạn 2
ANCOVA
Các giá trị p
p<0,05
p<0,01
p<0,001

Fig. 44


Insulin
Giai đoạn 1
Giai đoạn 2
ng/mL
Thời gian (tuần)
ANCOVA
A vs B C D
ns ** **
Các giá trị p
p<0,05 *
p<0,01 **
p<0,001 ***
ANCOVA
A vs I
***
B vs C
ns
D vs E
ns
F
ns
G vs H
ns
Giai đoạn 1
QD (lira) / QW (GIPR Ab)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn n=8
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn n=16
C. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn n=40
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg n=8
Giai đoạn 8
QD (lira) / QW (GIPR Ab)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 1mg/kg
F. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
G. Dung dịch nước muối/chất dẫn
H. Dung dịch nước muối/Ab GIPR 25mg/kg
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg

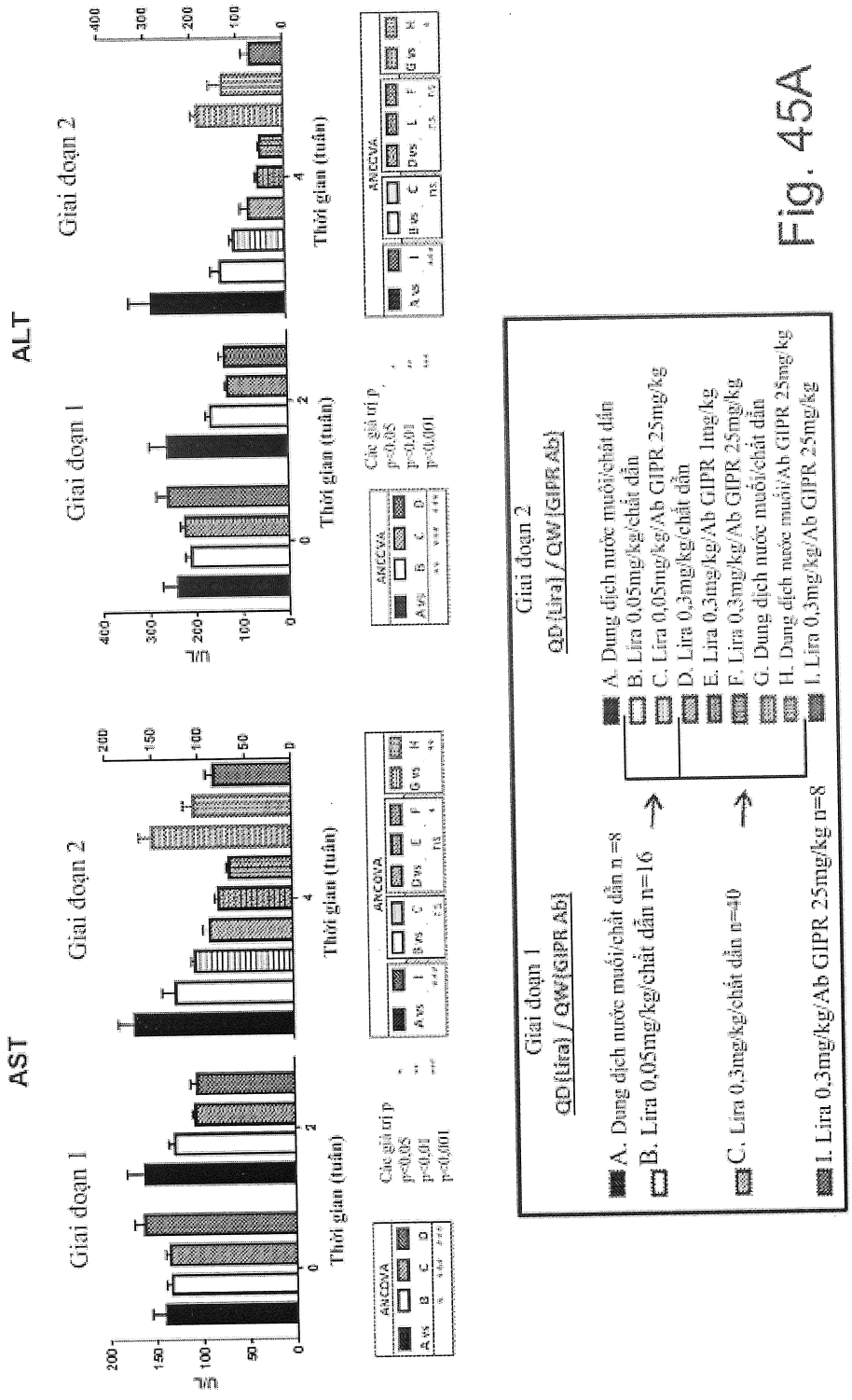

Hóa học lâm sàng - lượng enzym trong gan
AST
ALT
Giai đoạn 1
Giai đoạn 2
U/l
Thời gian (tuần)
ANCOVA
Các giá trị p
p<0,05
p<0,01
p<0,001
Giai đoạn 1
QD (Lira) / QW (GIPR Ab)
Giai đoạn 2
QD (Lira) / QW (GIPR Ab)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn n =8
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn n=16
C. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn n=40
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg n=8
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 1mg/kg
F. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
G. Dung dịch nước muối/chất dẫn
H. Dung dịch nước muối/Ab GIPR 25mg/kg
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg

Fig. 45A

Hóa học lâm sàng - lượng triglyxerit và cholesterol trong huyết tương

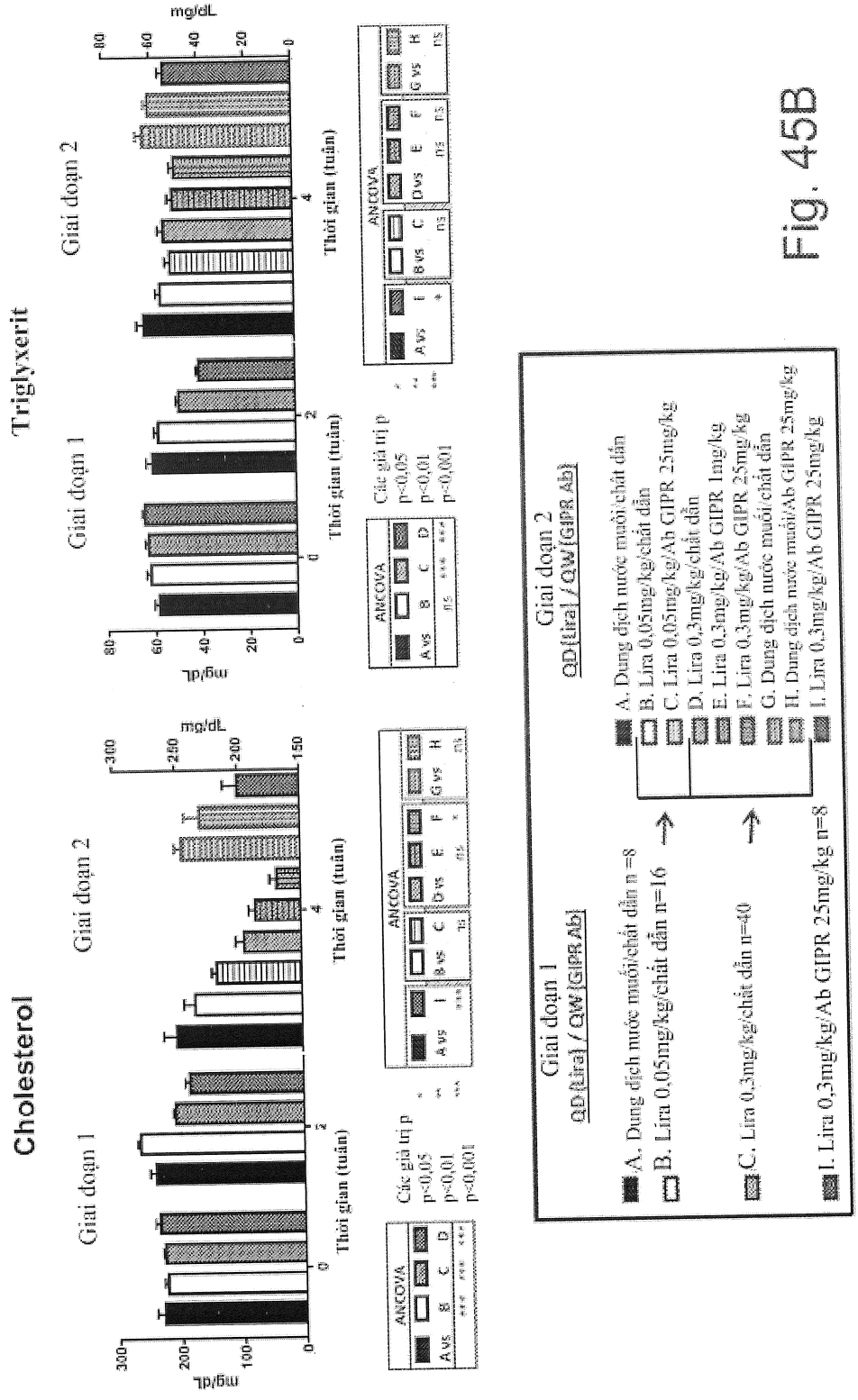
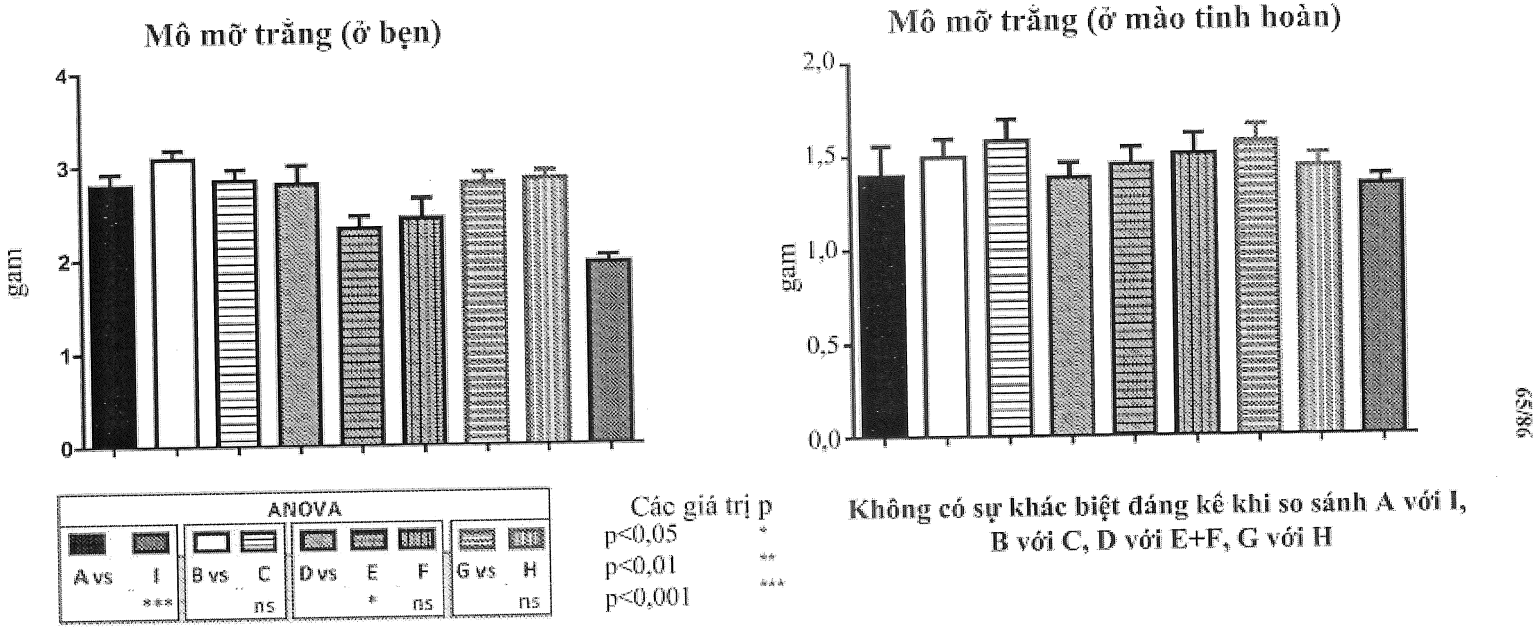


Fig. 45B

Hóa học lâm sàng - lượng glucoza và NEFA trong huyết tương

Fig. 45C

Khối lượng mô



Giai đoạn 1 QD (Lira) / QW (GIPR)	Giai đoạn 2 QD (Lira) / QW (GIPR)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn	A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn	B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn	C. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn	D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn	E. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 1mg/kg
F. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn	F. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
G. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn	G. Dung dịch nước muối/chất dẫn
H. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn	H. Dung dịch nước muối/Ab GIPR 25mg/kg
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg	I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg

Fig. 46

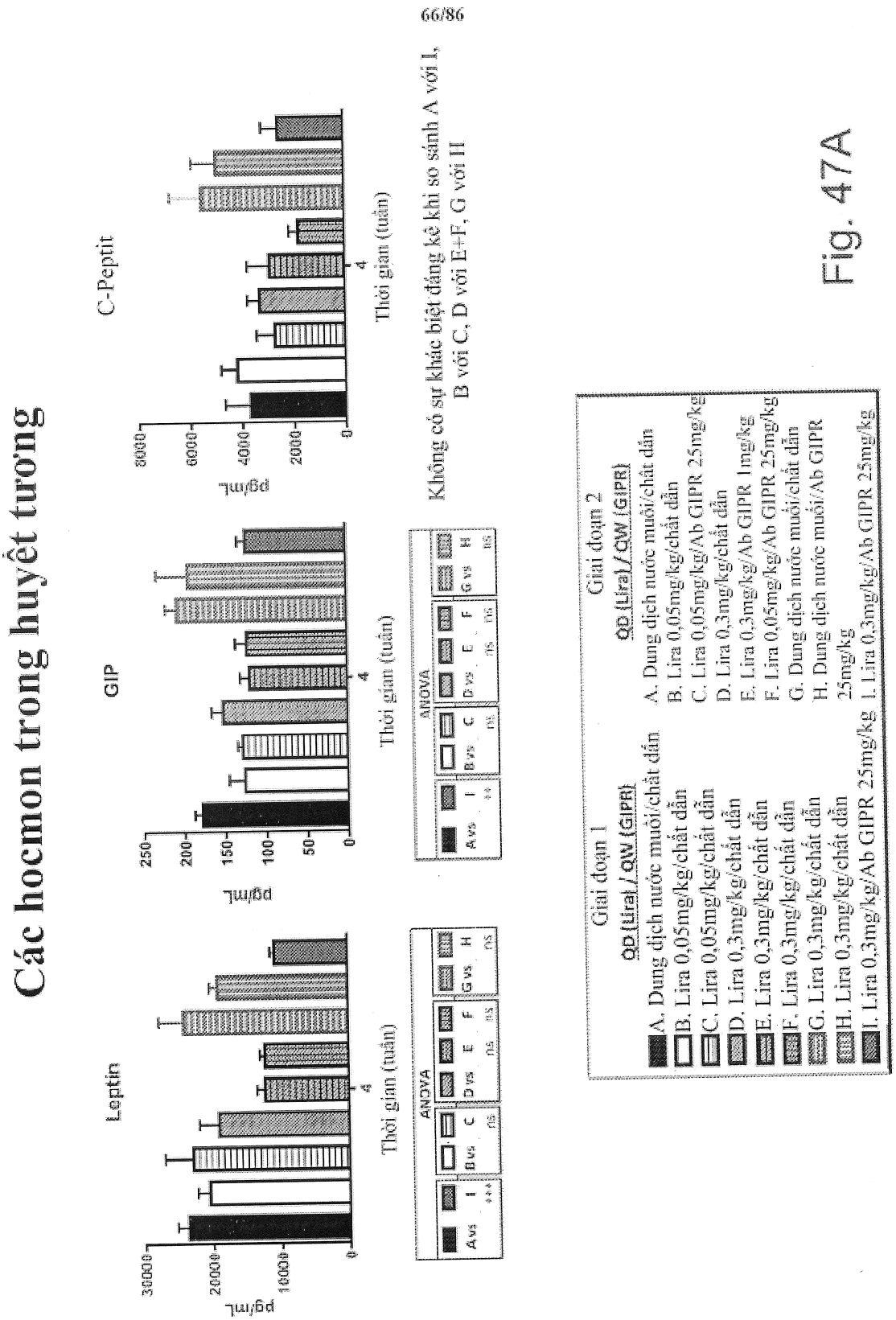

Các hocmon trong huyết tương
Leptin
pg/mL
Thời gian (tuần)
GIP
pg/mL
Thời gian (tuần)
C-Peptit
pg/mL
Thời gian (tuần)
ANOVA
Không có sự khác biệt đáng kể khi so sánh A với I,
B với C, D với E+F, G với H
Giai đoạn 1
QD (Lira) / QW (GIPR)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
F. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
G. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
H. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
Giai đoạn 2
QD (Lira) / QW (GIPR)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 1mg/kg
F. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
G. Dung dịch nước muối/chất dẫn
H. Dung dịch nước muối/Ab GIPR 25mg/kg
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg

Fig. 47A

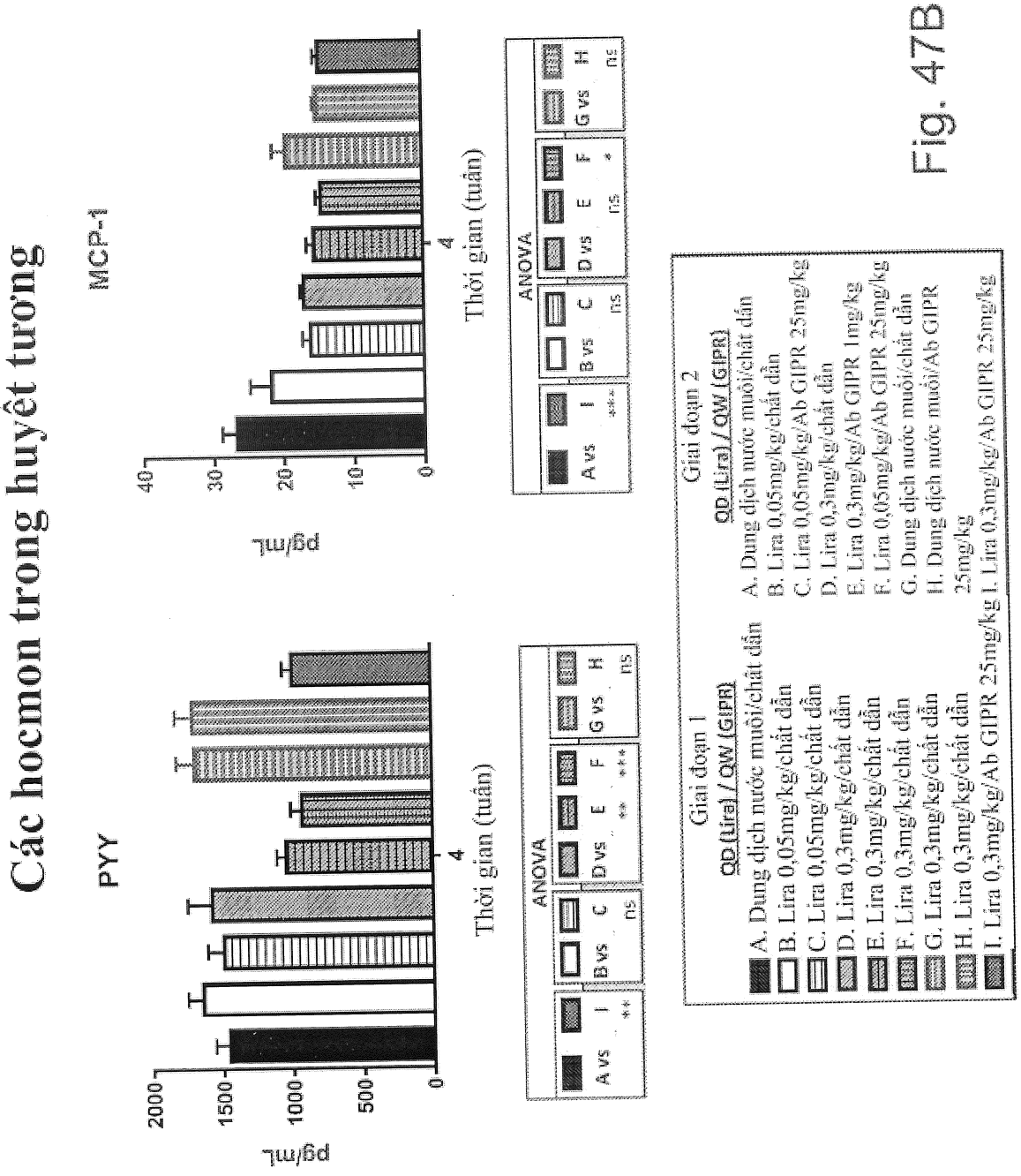

Các hocmon trong huyết tương
PYY
pg/mL
2000
1500
1000
500
0
4
Thời gian (tuần)
ANOVA
A vs I **
B vs C ns
D vs E **
F ***
G vs H ns
MCP-1
pg/mL
40
30
20
10
0
4
Thời gian (tuần)
ANOVA
A vs I ***
B vs C ns
D vs E ns
F *
G vs H ns
Giai đoạn 1
QD (Lira) / QW (GIPR)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
F. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
G. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
H. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
Giai đoạn 2
QD (Lira) / QW (GIPR)
A. Dung dịch nước muối/chất dẫn
B. Lira 0,05mg/kg/chất dẫn
C. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
D. Lira 0,3mg/kg/chất dẫn
E. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 1mg/kg
F. Lira 0,05mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg
G. Dung dịch nước muối/chất dẫn
H. Dung dịch nước muối/Ab GIPR 25mg/kg
I. Lira 0,3mg/kg/Ab GIPR 25mg/kg

Fig. 47B

Thiết kế nghiên cứu điều trị bệnh mạn tính bằng kháng thể kháng GIPR trên khi cynomolgus bị béo phì tự phát

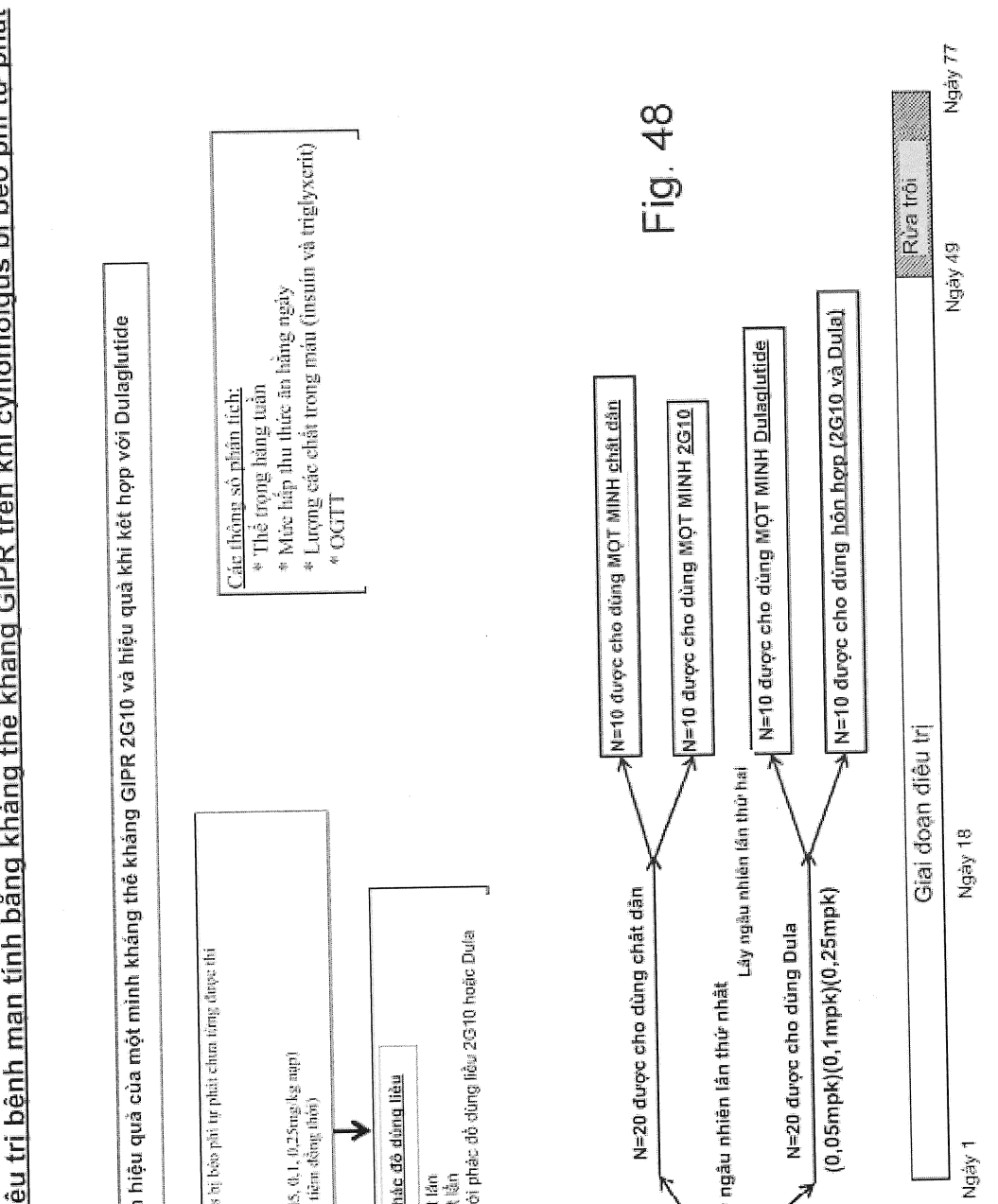


Fig. 48

2G10 làm giảm thể trọng ở các con khi cynomolgus bị béo phì tự phát có hoặc không có Dulaglutide

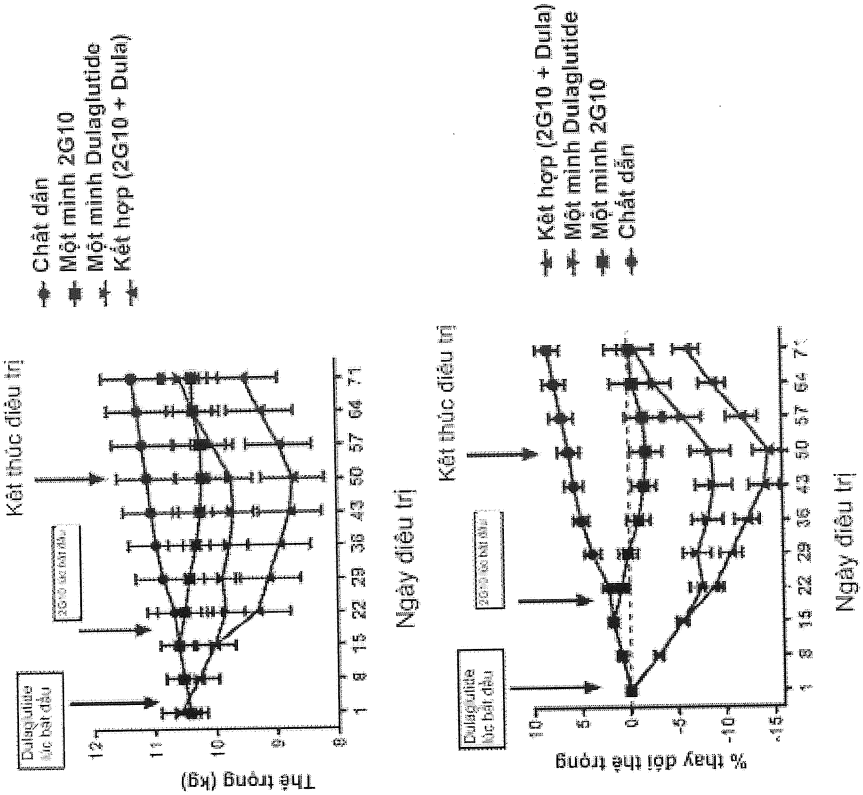
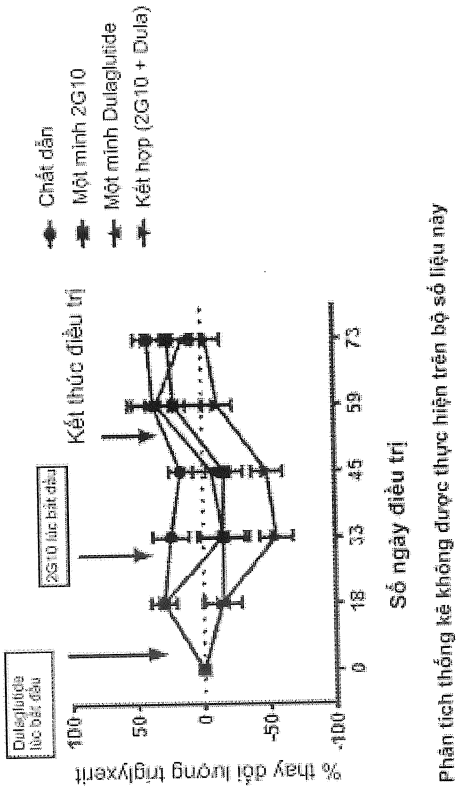


Fig. 49

Một minh 2G10 làm giảm thể trọng ở các con khi cynomolgus bị béo phì tự phát (mức ban đầu được bắt đầu lại vào ngày 15 trước khi bắt đầu điều trị bằng 2G10)

Fig. 50

2G10 ngăn ngừa tình trạng tăng lượng insulin và giảm lượng triglyxerit có hoặc không có Dulaglutide ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm (% thay đổi so với mức ban đầu)



Phân tích thống kê không được thực hiện trên bộ số liệu này

Phân tích thống kê không được thực hiện trên bộ số liệu này

Fig. 51

2G10 ngăn ngừa tình trạng tăng lượng insulin và giảm lượng triglyxerit có hoặc không có Dulaglutide ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm (số liệu chưa chỉnh) sau giai đoạn điều trị (ngày 45)

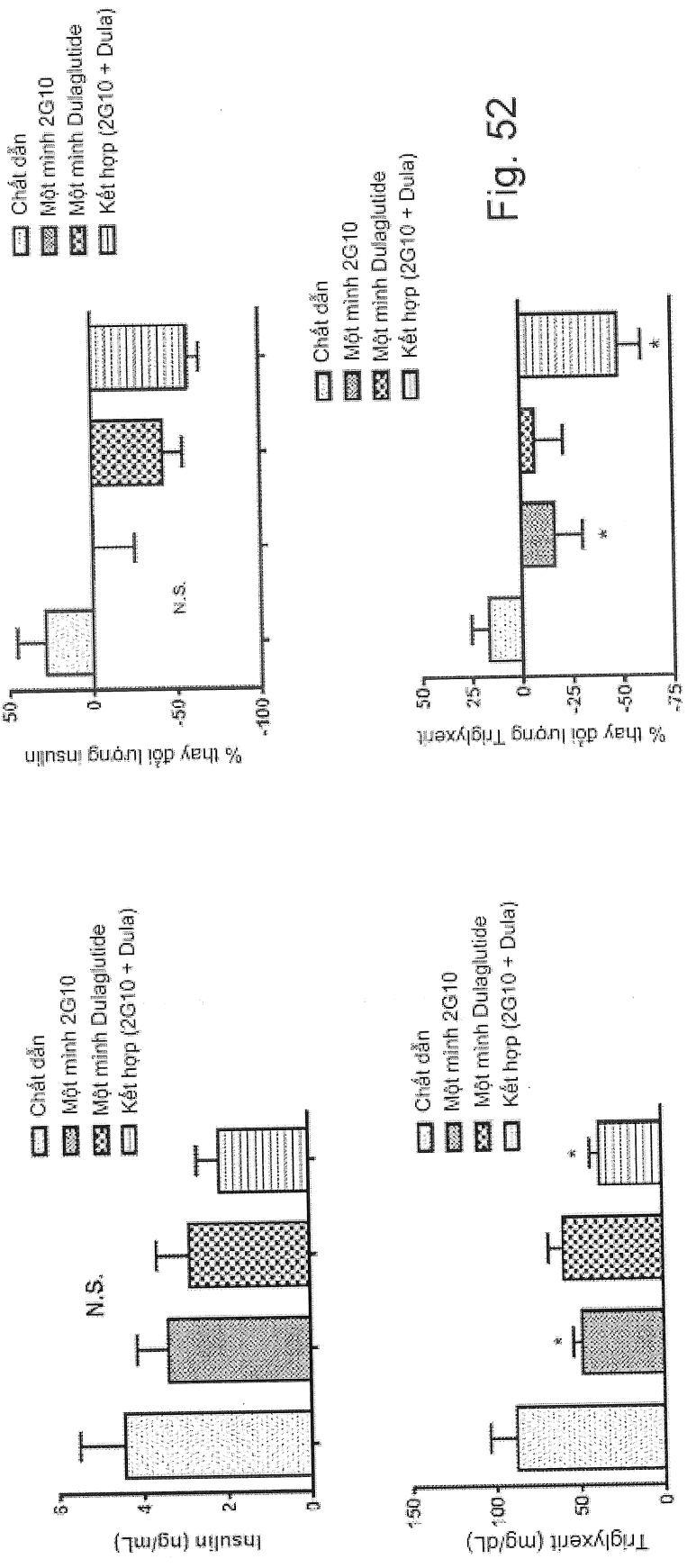


Fig. 52

2G10 không làm giảm OGTT ở các con khi cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm có hoặc không có Dulaglutide sau giai đoạn điều trị (ngày 49)

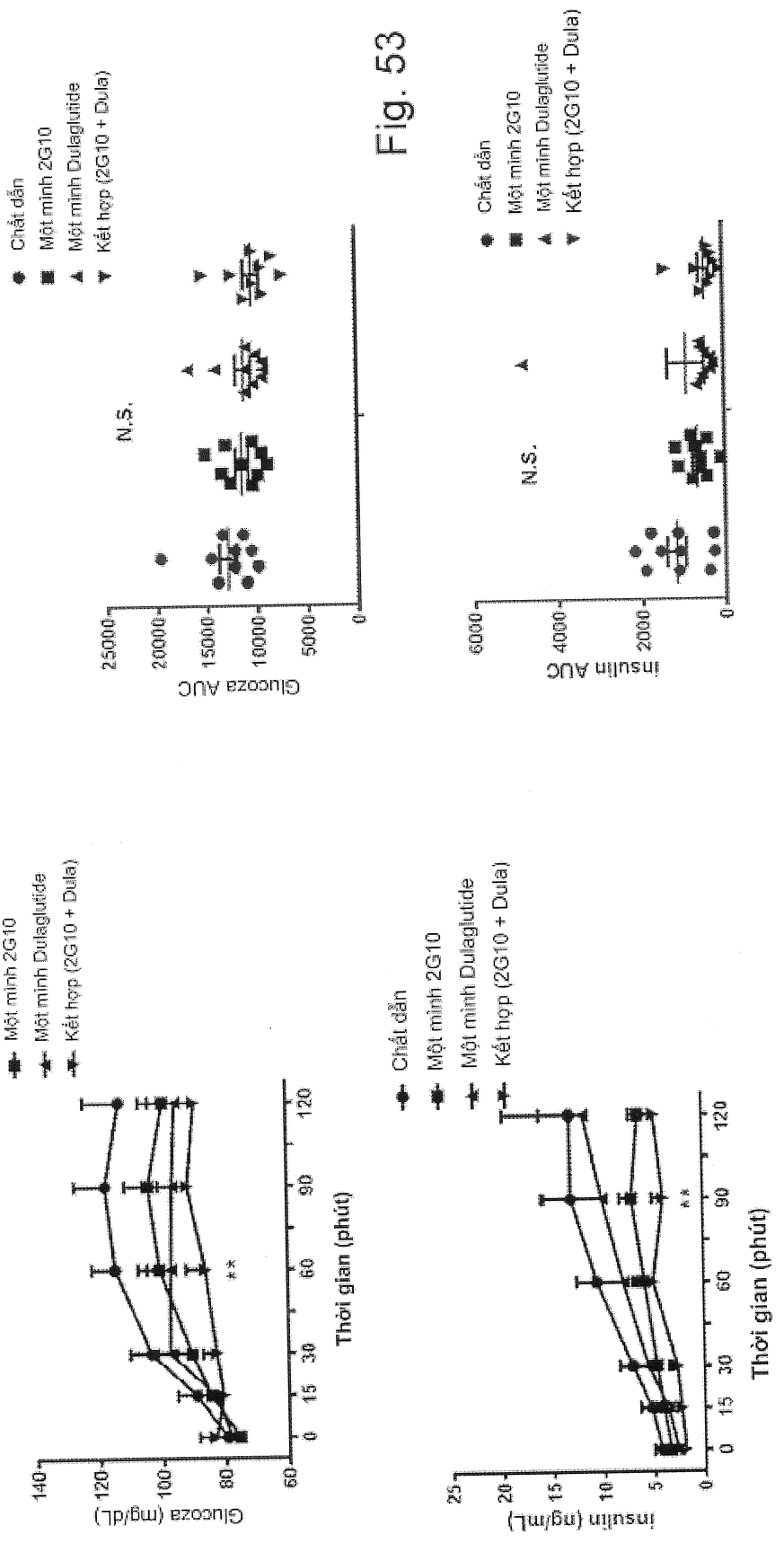


Fig. 53

2G10 không có tác động đến tổng lượng cholesterol, LDL-C và HDL-C ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45)

Fig. 54

2G10 không có tác động đến lượng glucoza ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì có lượng glucoza trong máu bình thường được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45)

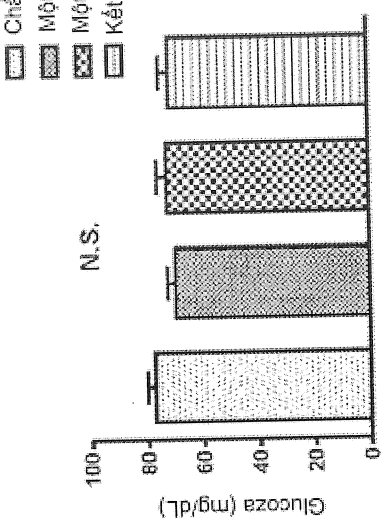
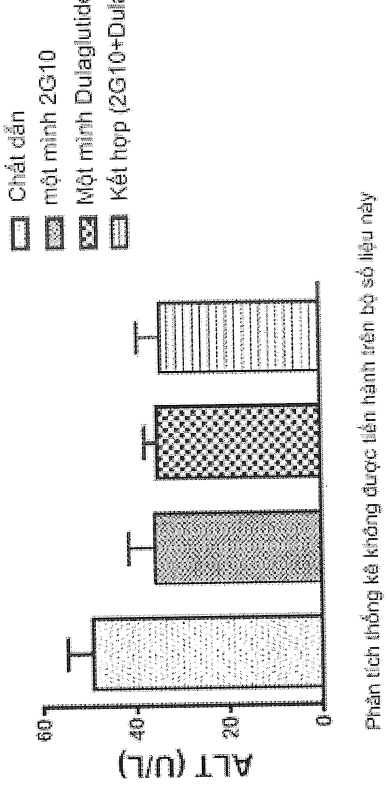


Fig. 55

2G10 không có tác động đến các enzym gan ở các con khỉ cynomolgus bị béo phì tự phát được để đói qua đêm sau giai đoạn điều trị (ngày 45)



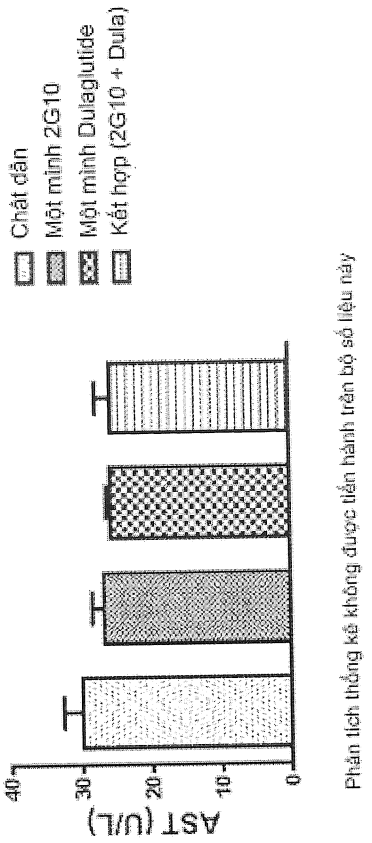


Fig. 56

FIG. 57

Toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 2G10

FIG. 57A

FIG. 57B

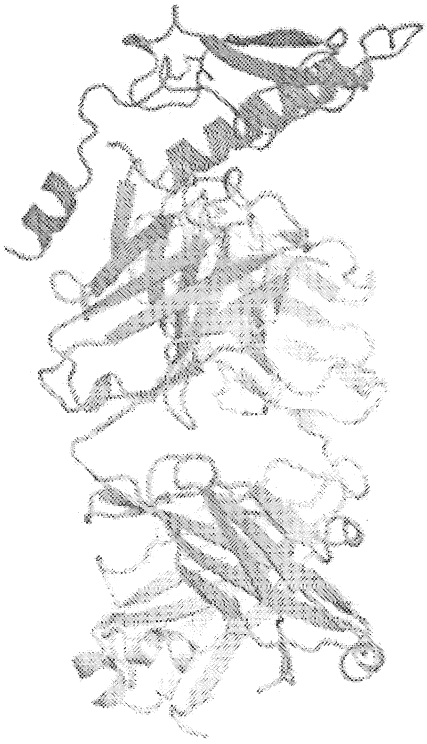


FIG. 58

Bề mặt chung gắn kết

FIG. 58A

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các vòng CDR của Fab 2G10

FIG. 58B

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các gốc huGIPR

FIG. 59

Toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 2C2

FIG. 59A

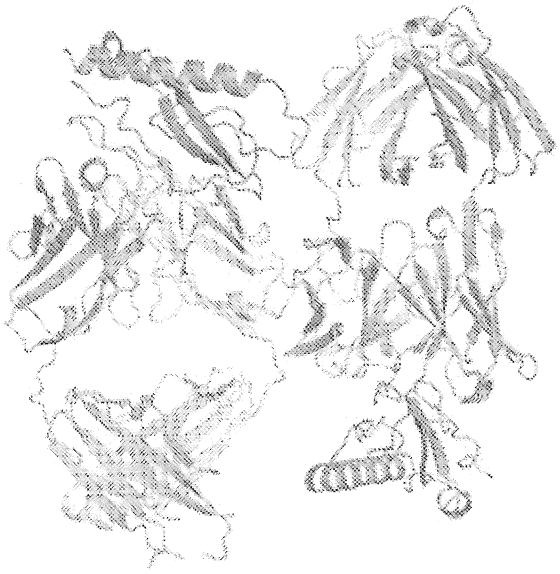


FIG. 59B

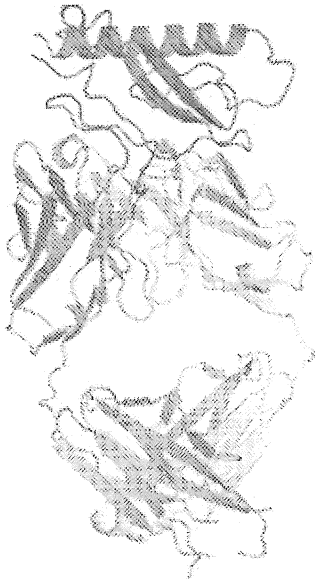


FIG. 60

Bề mặt chung gắn kết

FIG. 60A

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các vòng CDR của Fab 2C2

FIG. 60B

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các gốc huGIPR

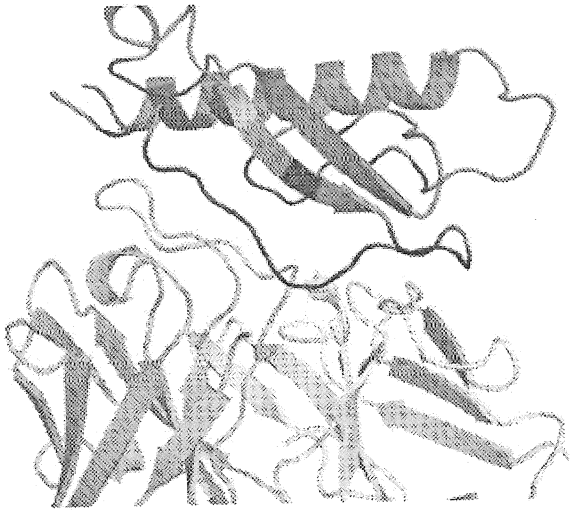


FIG. 61

Toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 6H1

FIG. 62

Bề mặt chung gắn kết

FIG. 62A

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các vòng CDR của Fab 6H1

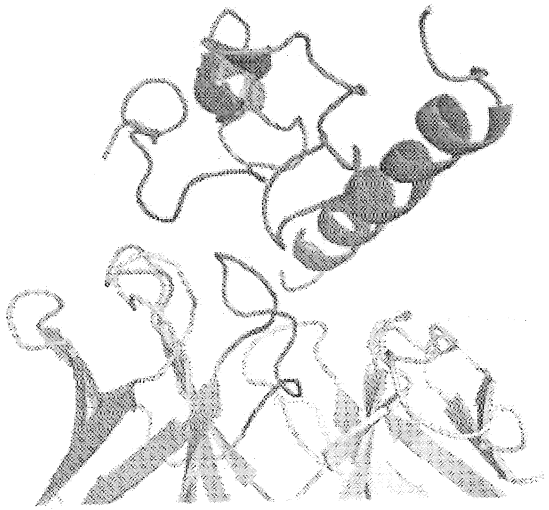


FIG. 62B

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các gốc huGIPR

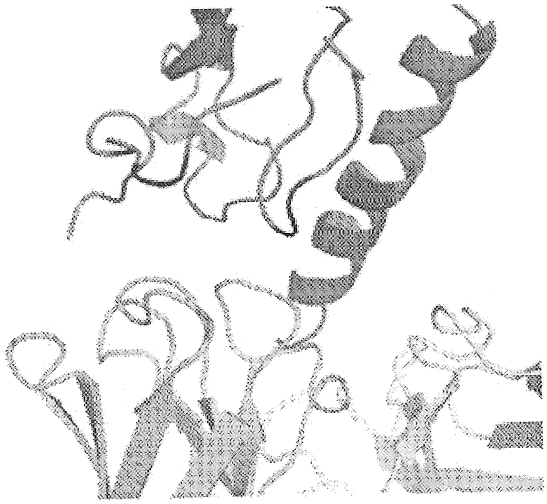


FIG. 63

Toàn bộ cấu trúc của phức hợp huGIPR-Fab 17H11

FIG. 64

Bề mặt chung gắn kết

FIG. 64A

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các vòng CDR của Fab 17H11

FIG. 64B

Bề mặt chung gắn kết thể hiện rõ các gốc huGIPR

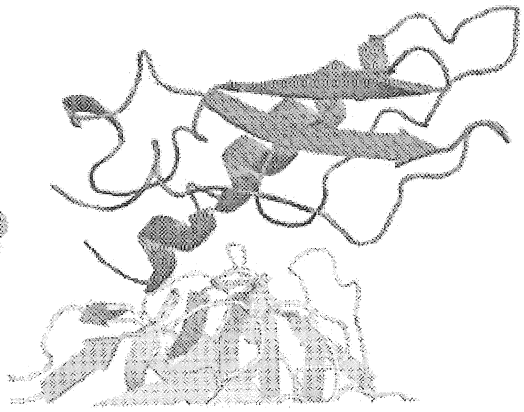


FIG. 65

Sự trình diện trên bề mặt của epitop kháng thể

FIG.65A
2G10

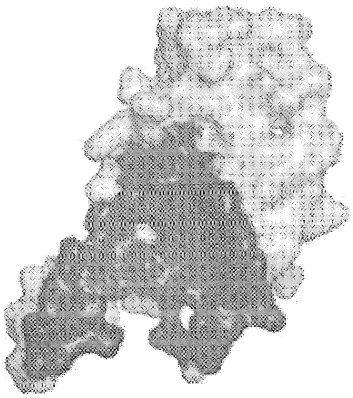


FIG. 65B
2C2

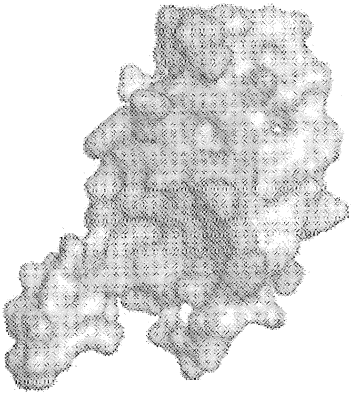


FIG. 65C
6H1

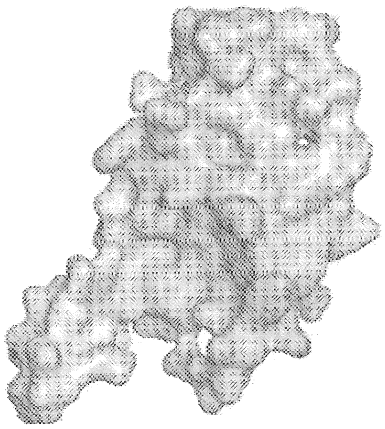


FIG. 65D
17H11

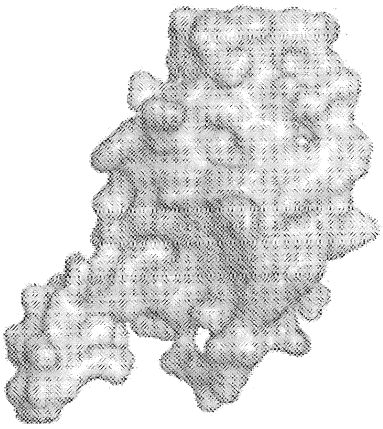


FIG. 65 (Tiếp)

Sự trình diện trên bề mặt của epitop kháng thể

FIG. 65E – Epitop cho Gipg013 (PDB: 4JH0)