



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2015년04월28일
(11) 등록번호 10-1511134
(24) 등록일자 2015년04월06일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 14/00 (2006.01) C07K 11/00 (2006.01)
C12N 5/10 (2006.01) G01N 33/50 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2009-7019583
(22) 출원일자(국제) 2008년02월21일
심사청구일자 2013년02월21일
(85) 번역문제출일자 2009년09월18일
(65) 공개번호 10-2009-0121349
(43) 공개일자 2009년11월25일
(86) 국제출원번호 PCT/JP2008/000290
(87) 국제공개번호 WO 2008/102557
국제공개일자 2008년08월28일
(30) 우선권주장
60/902,949 2007년02월21일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
US20030086934 A1

(73) 특허권자
온코세라피 사이언스 가부시카가이샤
일본, 가나가와 213-0012, 가와사키시, 다카즈구, 사카도 3초메 2-1
(72) 발명자
츠노다 타쿠야
일본 2130012 가나가와켄 가와사키시 다카즈구 사카도 3초메 2-1 온코세라피 사이언스 가부시카가이샤나이
오사와 류지
일본 2130012 가나가와켄 가와사키시 다카즈구 사카도 3초메 2-1 온코세라피 사이언스 가부시카가이샤나이
(74) 대리인
이원희

전체 청구항 수 : 총 20 항

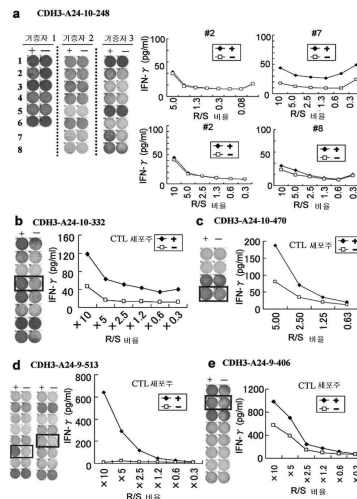
심사관 : 이현지

(54) 발명의 명칭 **종양-연관 항원을 발현하는 암에 대한 펩티드 백신**

(57) 요약

본 발명은, 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288에 따른 아미노산 서열을 갖는 펩티드 및, 1, 2 또는 몇 개(예를 들면, 5개 까지)의 아미노산이 치환, 결실 또는 부가된 펩티드로 세포독성 T 세포 유도능을 갖는 펩티드를 제공한다. 또한, 본 발명은 활성 성분으로 상기 1종 이상의 펩티드를 포함하는 예를 들면, 암과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병의 치료 또는 예방을 위한 약제를 제공한다. 또한, 본 발명의 펩티드는 백신으로서 더욱 유용할 수 있다.

대표도 - 도1a



명세서

청구범위

청구항 1

서열번호 194, 174, 178 또는 186으로 기재되는 아미노산 서열을 포함하는 15개 아미노산 길이 이하의 정제된 펩티드.

청구항 2

하기의 군으로부터 선택되는 세포독성 T 세포의 유도능(inducibility)을 가지는 15개 아미노산 길이 이하의 펩티드:

(a) 서열번호 194, 174, 178 및 186으로 구성되는 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산 서열에 있어서, N-말단의 두 번째 아미노산이 페닐알라닌(phenylalanine), 티로신(tyrosine), 메티오닌(methionine) 및 트립토판(tryptophan)으로 구성된 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산으로 치환된 서열을 포함하는 펩티드;

(b) 서열번호 194, 174, 178 및 186으로 구성되는 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산 서열에 있어서, C-말단의 아미노산이 페닐알라닌, 루신(leucine), 이소루신(isoleucine), 트립토판 및 메티오닌으로 구성된 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산으로 치환된 서열을 포함하는 펩티드; 및

(c) 서열번호 194, 174, 178 및 186으로 구성되는 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산 서열에 있어서, N-말단의 두 번째 아미노산이 페닐알라닌, 티로신, 메티오닌 및 트립토판으로 구성된 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산으로 치환된 서열 및 C-말단의 아미노산이 페닐알라닌, 루신, 이소루신, 트립토판 및 메티오닌으로 구성된 군으로부터 선택되는 어느 하나의 아미노산으로 치환된 서열을 포함하는 펩티드.

청구항 3

삭제

청구항 4

삭제

청구항 5

삭제

청구항 6

삭제

청구항 7

삭제

청구항 8

삭제

청구항 9

삭제

청구항 10

삭제

청구항 11

제 1항 또는 제 2항의 하나 이상의 펩티드, 또는 상기 펩티드를 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는, 암의 치료 또는 예방용 약학적 조성물.

청구항 12

삭제

청구항 13

제 11항에 있어서, 상기 암은 방광암, 유방암, 담관세포암, 식도암, NSCLC, 췌장암, 전립선암, 신장암 및 SCLC 로 구성되는 군으로부터 선택되는 것을 특징으로 하는 약학적 조성물.

청구항 14

제 1항 또는 제 2항의 펩티드, 및 HLA 항원을 포함하는 복합체를 표면에 제시하는 엑소솜(exosome).

청구항 15

제 14항에 있어서, 상기 HLA 항원은 HLA-A24인 것을 특징으로 하는 엑소솜.

청구항 16

제 15항에 있어서, 상기 HLA 항원은 HLA-A2402인 것을 특징으로 하는 엑소솜.

청구항 17

삭제

청구항 18

삭제

청구항 19

삭제

청구항 20

하기 군으로부터 선택되는 단계를 포함하는 실험관내(in vitro) 세포독성 T 세포 유도능을 가지는 항원 제시 세포 유도방법:

(a) 제 1항 또는 제 2항의 펩티드를 항원 제시 세포와 접촉시키는 단계; 및 (b) 제 1항 또는 제 2항의 펩티드를 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 유전자를 항원 제시 세포에 트랜스퍼(transfer)하는 단계.

청구항 21

하기 군으로부터 선택되는 단계를 포함하는 실험관내 세포독성 T 세포 유도방법:

(a) 제 1항 또는 제 2항의 펩티드를 T 세포와 접촉시키는 단계; 및

(b) HLA2-A24와 관련하여 제 1항 또는 제 2항의 펩티드와 결합하는 TCR 서브유닛(subunit) 폴리펩티드를 암호화하는 핵산을 T 세포에 형질도입하는 단계.

청구항 22

제 21항의 방법으로 유도된, 정제된 세포독성 T 세포.

청구항 23

HLA 항원, 및 제 1항 또는 제 2항의 펩티드 사이에서 형성된 복합체를 포함하는 항원 제시 세포.

청구항 24

제 20항의 방법에 의해 유도된, 항원 제시 세포.

청구항 25

제 1항 또는 제 2항의 펩티드를 유효 성분으로 포함하고, 서열번호 11로 기재되는 유전자를 발현하는 암세포의 증식을 억제하는 백신(vaccine).

청구항 26

삭제

청구항 27

제 25항에 있어서, 상기 암은 방광암, 유방암, 담관세포암, 식도암, NSCLC, 췌장암, 전립선암, 신장암 및 SCLC로 구성되는 군으로부터 선택되는 것을 특징으로 하는 백신.

청구항 28

제 27항에 있어서, HLA 항원이 HLA-A24인 개체로 투여하기 위하여 조제되는 것을 특징으로 하는 백신.

청구항 29

제 1항 또는 제 2항의 펩티드, 또는 상기 펩티드를 암호화하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 개체 내 암의 치료 또는 예방용 백신.

청구항 30

삭제

청구항 31

제 29항에 있어서, 상기 암은 방광암, 유방암, 담관세포암, 식도암, NSCLC, 췌장암, 전립선암, 신장암 및 SCLC로 구성되는 군으로부터 선택되는 것을 특징으로 하는 백신.

청구항 32

하기 단계를 포함하는, KIF20A를 발현하는 세포에 대항하는 CTL을 유도하는 능력을 가지는 펩티드 확인 방법:

- (i) 서열번호 194, 174, 178 및 186으로 구성된 군으로부터 선택되는 원본(original) 아미노산 서열에 있어서, 1 또는 2개의 아미노산 잔기를 치환, 삭제 또는 부가하여 변형된 아미노산 서열로 구성된 적어도 하나의 후보 서열을 제공하는 단계;
- (ii) KIF20A를 제외한 알려진 임의의 인간 유전자 산물로부터 유래된 펩티드와 상당히 유의적인 상동성을 갖지 않는 후보 서열을 선별하는 단계;
- (iii) 상기 단계 (ii)에서 선별된 후보 서열로 구성된 펩티드를 항원 제시 세포와 접촉시키는 단계;
- (iv) T-세포를 자극하는 펩티드의 능력을 평가하기 위하여 T-세포와 상기 단계 (iii)의 항원 제시 세포를 접촉시키는 단계; 및
- (v) 원본 아미노산 서열로 구성된 펩티드보다 CTL 유도능이 동일하거나 높은 펩티드를 확인하는 단계.

청구항 33

하기 단계를 포함하는 실험관내 세포독성 T 세포 유도방법:

- (i) 제 1항 또는 제 2항의 펩티드를 항원 제시 세포와 접촉시키는 단계; 및
- (ii) 상기 단계 (i)의 항원 제시 세포와 CD8⁺ T 세포와 혼합하고 이를 동시배양하는 단계.

청구항 34

제 33항의 방법으로 유도된, 정제된 세포독성 T 세포.

발명의 설명

기술 분야

- [0001] 본 출원은 2007년 02월 21일에 출원된 미국 가출원 제60/902,949호의 우선권을 주장하며, 그 내용은 모든 목적을 위하여 참조로서 본 명세서에 포함된다.
- [0002] 본원발명은 생물과학 분야, 보다 구체적으로는 암 치료 분야에 관한 것이다. 특히, 본 발명은 암 백신으로 매우 효과적인 신규 면역원성 펩티드, 및 상기 펩티드를 포함하는 종양 치료 및 예방용 약제에 대한 것이다.

배경 기술

- [0003] CD8⁺ 세포독성 T 림프구(cytotoxic T lymphocytes; CTL)가 MHC 클래스 I 분자에 제시되는 종양 관련 항원(tumor-associated antigen; TAAs) 유래의 에피토프 펩티드(epitope peptide)를 인식하여 종양 세포를 용해시키는 것이 증명되었다. TAA의 최초의 예로서 MAGE 패밀리가 발견된 이래, 그 외 많은 TAA들이 면역학적 방법을 이용해서 발견되었다[Boon T. 1993, *Int J Cancer* 54:177-80; noob. t. et al., 1996, *Exp Med.* 183:725-9; nav. der neggurB P et al., 1991, *Science* 254:1643-7; Brichard V et al., 1993, *J Exp Med.* 178:489-95; Kawakami Y et al., 1994, *J Exp Med* 180:347-52]. 그 중 일부는 현재 면역요법의 표적으로 임상개발 중이다. 지금까지 발견된 TAA에는 MAGE(van der Bruggen P et al., 1991, *Science* 254:1643-7), gp100(Kawakami Y et al., 1994, *J Exp Med.* 180:347-52), SART(Shichijo S et al., 1998, *J Exp Med.* 187:277-88, 및 NY-ES0-1(Chen y. t. et al., 1997, *Proc. Natl. Acd. Sci. USA*, 94:1914-8)이 있다. 한편, 종양 세포에 있어 어느 정도 특이적으로 과발현하는 것으로 알려진 유전자 산물은 세포면역반응을 유도하기 위한 표적으로 인식되고 있다. 이러한 종류의 유전자산물로는 p53(Umano Y et al., 2001, *Br J Cancer*, 84:1052-7), HER2/neu(Tanaka H et al., 2001, *Br J Cancer*, 84: 94-9), CEA(Nukaya I et al., 1999, *Int. j. Cancer* 80, 92-7) 등이 있다.
- [0004] TAA의 기초 및 임상 연구가 상당히 진행되었음에도(Rosenberg SA et al., 1998, *Nature Med*, 4: 321-7; Mukherji b. et al., 1995, *Proc Natl Acad Sci USA*, 92: 8078-82; Hu X et al., 1996, *Cancer Res*, 56: 2479-83) 암치료를 적합한 매우 제한된 수의 TAA 후보만이 현재 이용되고 있다. 암세포에서 풍부하게 발현되고, 그 발현이 암세포에 한정되어 있는 TAA는 면역치료 표적으로 유망한 후보일 것이다.
- [0005] HLA-A24 및 HLA-A0201은 둘 다 일본인 및 백인 집단에서 일반적인 HLA 대립 유전자이다(Date Y et al., 1996, *Tissue Antigens* 47: 93-101; Kondo A et al., 1995, *J Immunol* 155: 4307-12; Kubo RT et al., 1994, *J Immunol* 152: 3913-24; Imanishi et al., Proceeding of the eleventh International Histocompatibility Workshop and Conference Oxford University Press, Oxford, 1065, 1992,; Williams F et al., 1997, *Tissue Antigen* 49: 129-33). 그러므로 상기 HLA 대립유전자에 의하여 제시되는 암의 항원성 펩티드는 일본인 및 백인 환자의 암 치료에 특히 유용할 수 있다. 나아가, *in vitro*에서 저친화성 CTL의 유도는 상기 CTL을 효과적으로 활성화 시킬 수 있는 항원 제시 세포(APCs)에서 특정 펩티드/MHC 복합체를 높은 수준으로 생성하는, 고농도의 펩티드에 노출되는 것에 기인하는 것으로 알려져 있다(Alexander-Miller et al., 1996, *Proc Natl Acad Sci USA* 93: 4102-7).
- [0006] 최근, HLA 클래스 I-결합 펩티드 서열이 알고리즘을 이용하여 예상될 수 있었다(*Journal of Immunological Methods*, 1995, 185, 181-190; *j. Immunol.*, 1994, 152, 163-175; *protein science*, 2000, 9, 1838-1846). 그러나 이렇게 예상된 에피토프 펩티드가 알맞은 크기로 절단되어 표적 세포 표면에 HLA 분자와 함께 발현되어 CTL에 의해 인지될 수 있다고 말하기는 어렵다. 더욱이 예를 들어 BIMAS(http://bimas.dcrt.nih.gov/cgi-bin/molbio/ken_parker_comboform)와 같은 알고리즘은 HLA 분자-결합 펩티드를 제시할 수 있지만(Parker KC, et al., 1994, *J Immunol.*, 152(1): 163-75; Kuzushima K, et al., 2001, *Blood.*, 98(6): 1872-81), 상기에서 제시된 펩티드는 정확하지 않다(Bachinsky MM, et al., *cancer Immun.* 2005, 5: 6). 그러므로 TAA 스크리닝에는 아직 많은 도전과 어려움이 남아있다.
- [0007] 최근 cDNA 마이크로어레이 기술의 발전으로 정상 세포와 비교하여 악성 세포의 유전자 발현의 종합적인 프로파일을 구축하는 것이 가능해졌다(Okabe, h. et al., 2001, *Cancer Res.*, 61, 2129-37; Lin Ym. et al., 2002, *Oncogene*, 21:4120-8; Hasegawa s. et al., 2002, *Cancer Res.* 62:7012-7). 이러한 접근은 암세포의 복잡한

특성 및 암 생성 메카니즘의 깊은 이해를 가능하게 하고 종양에서 발현이 조절되지 못하는 유전자를 발굴하는 것을 촉진한다(Bienz *m. et al.*, 2000, *Cell* 103, 311-20). 암에서 상향 조절되어있다고 알려진 전사체 중에서, CDH3(GenBank 접근 번호: NM_001793; 서열번호: 1, 2), EPHA4(GenBank 접근 번호: L36645; 서열번호: 3, 4), ECT2(GenBank 접근 번호: AY376439; 서열번호: 5, 6), HIG2(GenBank 접근 번호: NM_013332; 서열번호: 7, 8) INHBB(GenBank 접근 번호: NM_002193; 서열번호: 9, 10), KIF20A(GenBank 접근 번호: NM_005733; 서열번호: 11, 12), KNTC2(GenBank 접근 번호: AF017790; 서열번호: 13, 14), TTK(GenBank 접근 번호: NM_003318; 서열번호: 15, 16) 및 URLC10(GenBank 접근 번호: NM_017527; 서열번호: 17, 18)이 최근 밝혀졌다. 상기 내용은 본 명세서에 참조로서 통합된다. 본 발명자들이 특히 흥미를 가진 상기 유전자들은 케이스 분석 결과 다양한 암 조직의 종양세포에서 특이적으로 상향 조절되어 있었다(하기 참조). 그러므로 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10에서 유래한 면역원성 펩티드는 그러한 항원을 발현하는 암세포를 선택적으로 죽이는 것에 유용할 것이다. 본 발명은 이를 설명한다.

[0008]

예컨대 M-VAC과 같은 세포 독성 약제는 자주 심각한 부작용을 유발하기 때문에, 부작용 리스크를 최소화한 유효한 항암제 개발에 있어, 잘 검토한 메커니즘을 기초로 신규 표적분자를 주의 깊게 선택하는 것이 중요하다는 것은 명백할 것이다. 이를 위하여, 본 발명자들은 먼저 다양한 암 및 정상 인체 조직의 발현 프로파일 분석을 수행하고, 암에서 특이적으로 과발현하는 유전자를 여러 개 찾아냈다(Lin YM, *et al.*, *Oncogene*. 2002, 21: 4120-8; Kitahara O, *et al.*, *Cancer Res.* 2001, 61: 3544-9; Suzuki C, *et al.*, *Cancer Res.* 2003, 63: 7038-41; Ashida S, *Cancer Res.* 2004, 64: 5963-72; Ochi K, *et al.*, *Int J Oncol.* 2004, 24(3): 647-55; Kaneta Y, *et al.*, *Int J Oncol.* 2003, 23: 681-91; Obama K, *Hepatology.* 2005, 41: 1339-48; Kato T, *et al.*, *Cancer Res.* 2005, 65: 5638-46; Kitahara O, *et al.*, *Neoplasia.* 2002, 295-303; Saito-Hisaminato A *et al.*, *DNA Res.* 2002, 9: 35-45). 예를 들어 다양한 암에서 과발현되는 것으로 확인된 유전자에는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. CDH3은 이미 방광암, 자궁경부암, 담관세포암, 대장암, 자궁내막증, 위암, 미만형(diffused-type) 위암, 비소세포폐암(NSCLC), 췌장암, 연조직 종양 및 고환종양에서 과발현되는 것으로 확인되었다. EPHA4는 방광암, 자궁경부암, 담관세포암, 자궁내막증, 미만형 위암, 자궁암, 췌장암, 전립선암 및 연조직 종양에서 확인되었다. ECT2는 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, 만성 골수성 백혈병(CML), 대장암, 식도암, NSCLC, 림프종, 전립선암, 신장암 및 소세포폐암(SCLC)에서 확인되었다. HIG2는 신장암 및 SCLC에서 확인되었다. INHBB는 담관세포암, 식도암, NSCLC, 신장암, SCLC 및 연조직 종양에서 확인되었다. KIF20A는 방광암, 유방암, 담관세포암, 식도암, NSCLC, 췌장암, 전립선암, 신장암 및 SCLC에서 확인되었다. KNTC2는 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 식도암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC 및 연조직 종양에서 확인되었다. TTK는 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 식도암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 전립선암, SCLC 및 연조직 종양에서 확인되었다. URLC10은 방광암, 자궁경부암, 담관세포암, 식도암, 위암, NSCLC, 골육종, 췌장암 및 SCLC에서 확인되었다.

발명의 상세한 설명

[0009]

본 발명은 면역요법에 적절한 표적을 발굴하는 것에 기초한다. 왜냐하면 TAA는 종종 면역원성이 없고, 알맞은 표적의 발견은 매우 중요한 이슈이기 때문이다. 전술한 바와 같이, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10은 다양한 종양에서 상향 조절되어 있는 것으로 밝혀졌다. 특히, 상기 유전자들은 게놈영역(genome-wide) cDNA 마이크로어레이를 통한 유전자 발현 프로파일 분석을 이용하여 확인된 것이다. 전술한 바와 같이, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10의 발현은 췌장암 세포부터 신장세포암까지 다양한 암세포에서 특이적으로 상향 조절되어 있는 것을 보여주었다. 표 1에 나타난 바와 같이, CDH3의 발현은 34개 중 26개의 방광암, 19개 중 17개의 자궁경부암, 모든 19개의 담관세포암, 34개 중 30개의 대장암, 21개 중 20개의 자궁내막증, 20개 중 13개의 위암, 8개 중 7개의 미만형 위암, 37개 중 36개의 NSCLC, 모든 16개의 췌장암, 모든 21개의 연조직 종양 및 모든 10개의 고환종양에서 유의하게 증가되었다.

[0010]

표 1을 더욱 자세히 설명한다:

[0011]

EPHA4의 발현은 34개 중 14개의 방광암, 14개 중 8개의 자궁경부암, 25개 중 10개의 담관세포암, 15개 중 5개의 자궁내막증, 8개 중 5개의 미만형 위암, 모든 5개의 자궁암, 모든 14개의 췌장암, 51개 중 20개의 전립선암 및 23개 중 14개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.

[0012]

ECT2의 발현은 19개 중 17개의 방광암, 12개 중 5개의 유방암, 모든 14개의 자궁경부암, 모든 13개의 담관세포

암, 모든 5개의 CML, 8개 중 7개의 대장암, 16개 중 12개의 식도암, 16개 중 6개의 NSCLC, 10개 중 8개의 림프종, 1개 중 1개의 췌장암, 13개 중 10개의 전립선암, 6개 중 3개의 신장암 및 13개 중 12개의 SCLC 암에서 유의하게 증가되었다.

- [0013] HIG2의 발현은 20개 중 19개의 신장암 및 9개 중 7개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0014] INHBB의 발현은 21개 중 10개의 담관세포암, 모든 12개의 식도암, 13개 중 10개의 NSCLC, 24개 중 22개의 신장암, 14개 중 8개의 SCLC 암 및 49개 중 45개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0015] KIF20A의 발현은 모든 31개의 방광암, 61개 중 38개의 유방암, 11개 중 10개의 담관세포암, 19개 중 7개의 식도암, 22개 중 21개의 NSCLC, 모든 6개의 자궁암, 36개 중 17개의 전립선암, 11개 중 6개의 신장암 및 모든 15개의 SCLC에서 유의하게 증가되었다.
- [0016] KNTC2의 발현은 32개 중 30개의 방광암, 56개 중 47개의 유방암, 모든 10개의 자궁경부암, 22개 중 16개의 담관세포암, 37개 중 17개의 CML, 10개 중 3개의 대장암, 46개 중 11개의 식도암, 19개 중 15개의 NSCLC, 8개 중 7개의 림프종, 24개 중 20개의 골육종, 5개 중 3개의 자궁암, 모든 2개의 췌장암, 37개 중 15개의 전립선암, 19개 중 14개의 신장암, 모든 15개의 SCLC 및 59개 중 40개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0017] TTK의 발현은 모든 27개의 방광암, 30개 중 25개의 유방암, 16개 중 15개의 자궁경부암, 모든 10개의 담관세포암, 7개 중 5개의 CML, 10개 중 6개의 대장암, 44개 중 24개의 식도암, 15개 중 8개의 간암, 모든 12개의 NSCLC, 모든 6개의 림프종, 16개 중 13개의 골육종, 17개 중 12개의 전립선암, 모든 15개의 SCLC 및 33개 중 16개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0018] URLC10의 발현은 모든 29개의 방광암, 16개 중 15개의 자궁경부암, 모든 7개의 담관세포암, 19개 중 7개의 식도암, 모든 3개의 위암, 27개 중 24개의 NSCLC, 19개 중 15개의 골육종, 5개 중 4개의 췌장암, 43개 중 33개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0019] 적어도 부분적으로 본 발명은 상응하는 분자에 특이적으로 세포독성 T 림프구(CTL)를 유도하는 능력을 가지는 상기 유전자의 유전자 산물(CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10)의 특이적인 에피토프 펩티드를 동정하는 것에 기초한다. 하기에 상술한 바와 같이, 건강한 기증자의 말초혈액 단핵구(PBMC)는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10로부터 유래한 HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201 결합 후보 펩티드를 사용하여 자극되었다. 이후, 각 후보 펩티드로 펄스된 HLA-A24 또는 HLA-A2 양성 표적세포에 대하여 특이적으로 세포독성을 나타내는 CTL 클론 및/또는 세포주를 확립하였다. 상기 결과는 이러한 펩티드가 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10을 발현하는 세포에 대하여 강력하고 특이적인 면역반응을 유도할 수 있는 HLA-A24 또는 HLA-A2 구속성 에피토프 펩티드인 것을 증명한다.
- [0020] 따라서 본 발명은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 또는 예방 방법을 제공한다. 상기 방법은 본 발명의 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10 폴리펩티드를 필요에 따라 개체에 투여하는 단계를 포함한다. 상기 펩티드들의 투여는 상기 폴리펩티드들의 투여에 의해 유도되는 항종양 면역을 유도하게 된다. 그러므로 본 발명은 개체의 항종양 면역을 유도하는 방법을 제공하며, 본 방법은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10 폴리펩티드를 포함하는, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현에 관련된 질환, 예를 들면 암을 치료 또는 예방하기 위한 약학적 조성물과 마찬가지로, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10 폴리펩티드를 개체로 투여하는 단계를 포함한다. 상기 암은 예를 들어 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다.
- [0021] 본 발명은 나아가 상기 질병의 수술 후 재발의 예방 방법을 제공한다. 상기에서 기술한 구체적인 목표 및 목적에 따라, 하나 이상의 양태가 일정한 목적에 부합하며, 하나 이상의 다른 양태는 일정한 다른 목적에 부합할 수 있는 것이 당업자에 의해 이해될 것이다. 각각의 목적은 본 발명의 모든 양태 및 모든 사례에서 동등하게 적용되지 않을 것이다. 상기와 같이 본 명세서의 목적은 당업자에 의해 임의의 하나의 양태에 대한 대안으로 볼 수 있을 것이다.
- [0022] 첨부된 도면 및 구체예와 관련하여 하기의 상세한 설명을 보면, 본 발명의 목적 및 특징은 보다 완전하게 밝혀진다. 그러나 전술한 본 발명의 요약 및 이하의 상세한 설명은 본 발명의 바람직한 구체예일 뿐, 본 발명 또는 본 발명의 다른 대체의 구체예를 제한하려는 것은 아니다. 특히, 몇 개의 특정 구체예를 참조하여 본 명세서에

서 본 발명을 설명하는 한편, 그 설명은 본 발명의 예시이며 본 발명을 한정한다고 해석되지 않는다. 본 발명에 첨부된 청구항에서 기술한 본 발명의 사상과 범위를 벗어나지 않는 한 당업자에 의하여 다양한 변형 및 응용이 가능할 수 있다. 마찬가지로, 본 발명의 다른 목적, 특징, 이익 및 장점이 하기 요약 및 하기에서 기술한 구체예에 명시하였으며, 당업자라면 쉽게 알 수 있을 것이다. 상기 목적, 특징, 이익 및 장점은 첨부된 실시예, 데이터, 도면 및 이로부터 이끌어낼 수 있는 모든 합리적인 추론을 조합하여 단독 또는 같이 본 명세서에 참조로서 통합될 것이다.

[0023] 본 명세서에서 사용된 "하나의(a)", "하나의(an)", 및 "그(the)"라는 용어는 특별히 별도로 명시하지 않는 한 "적어도 1개"라는 의미이다.

[0024] 별도로 정하지 않는 이상, 본 명세서에서 이용한 모든 기술용어 및 과학 용어는 본 발명이 속하는 기술 분야의 당업자에 의해 공통적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다.

[0025] 본 발명은 면역요법에 적용가능한 표적을 발굴하는 것에 근거하고 있다. 특히 강력하고 특이적인 종양 면역 반응을 유도하는 새로운 TAA의 확인으로, 다양한 종류의 암에 있어서의, 펩티드 접종법의 임상적 응용의 발전이 가능하다(Boon T *et al.*, 1996, *J Exp Med.* 183: 725-9; van der Bruggen P *et al.*, 1991, *Science* 254: 1643-7; Brichard V *et al.*, 1993, *J Exp Med.* 178: 489-95; Kawakami Y *et al.*, 1994, *J Exp Med.* 180: 347-52; Shichijo S *et al.*, 1998, *J Exp Med.* 187: 277-88; Chen YT *et al.*, 1997, *Proc.Natl.Acad. Sci.USA*, 94: 1914-8; Harris CC, 1996, *J Natl Cancer Inst* 88: 1442-55; Butterfield LH *et al.*, 1999, *Cancer Res.* 59: 3134-42; Vissers JL *et al.*, 1999, *Cancer Res.* 59: 5554-9; van der Burg SH *et al.*, 1996, *j. Immunol.* 156: 3308-14; Tanaka F *et al.*, 1997, *Cancer Res.* 57: 4465-8; Fujie T *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 80: 169-72; Kikuchi M *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 81: 459-66; Oiso M *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 81: 387-94). 왜냐하면 TAA는 종종 면역원성이 없고, 알맞은 표적의 발견은 매우 중요한 이슈이기 때문이다.

[0026] 전술한 바와 같이,

[0027] CDH3(GenBank 접근 번호: NM_001793; 서열번호: 1, 2),

[0028] EPHA4(GenBank 접근 번호: L36645; 서열번호: 3, 4),

[0029] ECT2(GenBank 접근 번호: AY376439; 서열번호: 5, 6),

[0030] HIG2(GenBank 접근 번호: NM_013332; 서열번호: 7, 8)

[0031] INHBB(GenBank 접근 번호: NM_002193; 서열번호: 9, 10),

[0032] KIF20A(GenBank 접근 번호: NM_005733; 서열번호: 11, 12),

[0033] KNTC2(GenBank 접근 번호: AF017790; 서열번호: 13, 14),

[0034] TTK(GenBank 접근 번호: NM_003318; 서열번호: 15, 16) 및

[0035] URLC10(GenBank 접근 번호: NM_017527; 서열번호: 17, 18)이 다양한 암에서 과발현되는 것으로 cDNA 마이크로 어레이 기술을 이용하여 이미 확인된 바 있다.

[0036] 본 발명에서, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10로부터 유래한 펩티드는 일본인 및 백인 집단에서 공통적으로 발견되는 HLA 대립유전자인 HLA-A24 및 HLA-A2에 의해서 제한되는 TAA 에피토프인 것으로 나타난다. 특히, HLA-A24 또는 HLA-A2에 결합하는 친화성을 이용하여 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10로부터 유래한 HLA-A24 또는 HLA-A2 결합 펩티드 후보를 확인하였다. 상기 펩티드가 로딩된 수상돌기 세포(DC)로 T 세포에 *in vitro* 자극을 준 다음, 하기 펩티드들을 사용하여 CTL을 성공적으로 확립하였다.

[0037] CDH3-A24-9-513(서열번호 19),

[0038] CDH3-A24-9-406(서열번호 22),

[0039] CDH3-A24-10-807(서열번호 30),

[0040] CDH3-A24-10-332(서열번호 34),

- [0041] CDH3-A24-10-655(서열번호 344),
- [0042] CDH3-A24-10-470(서열번호 358),
- [0043] EPHA4-A24-9-453(서열번호 41),
- [0044] EPHA4-A24-9-5(서열번호 44),
- [0045] EPHA4-A24-9-869(서열번호 46),
- [0046] EPHA4-A24-9-420(서열번호 48),
- [0047] EPHA4-A24-10-24(서열번호 78),
- [0048] EPHA4-A02-9-501(서열번호 376),
- [0049] EPHA4-A02-9-165(서열번호 379),
- [0050] ECT2-A24-9-515(서열번호 80),
- [0051] ECT2-A24-10-40(서열번호 100),
- [0052] ECT2-A24-10-101(서열번호 101),
- [0053] HIG2-A24-9-19(서열번호 110),
- [0054] HIG2-A24-9-22(서열번호 111),
- [0055] HIG2-A24-9-8(서열번호 387),
- [0056] HIG2-A24-10-7(서열번호 112),
- [0057] HIG2-A24-10-18(서열번호 394),
- [0058] HIG2-A02-9-8(서열번호 114),
- [0059] HIG2-A02-9-15(서열번호 116),
- [0060] HIG2-A02-9-4(서열번호 117),
- [0061] HIG2-A02-10-8(서열번호 121),
- [0062] INHBB-A24-9-180(서열번호 395),
- [0063] INHBB-A24-10-180(서열번호 133),
- [0064] INHBB-A24-10-305(서열번호 135),
- [0065] INHBB-A24-10-7(서열번호 137),
- [0066] INHBB-A24-10-212(서열번호 426),
- [0067] KIF20A-A24-9-305(서열번호 174),
- [0068] KIF20A-A24-9-383(서열번호 178),
- [0069] KIF20A-A24-10-304(서열번호 186),
- [0070] KIF20A-A24-10-66(서열번호 194),
- [0071] KNTC2-A24-9-309(서열번호 196),
- [0072] KNTC2-A24-9-124(서열번호 202),
- [0073] KNTC2-A24-9-154(서열번호 210),
- [0074] KNTC2-A24-9-150(서열번호 213),
- [0075] KNTC2-A24-10-452(서열번호 214),
- [0076] KNTC2-A24-10-227(서열번호 217),

- [0077] KNTC2-A24-10-273(서열번호 223),
- [0078] TTK-A02-9-462(서열번호 227),
- [0079] TTK-A02-9-547(서열번호 228),
- [0080] TTK-A02-9-719(서열번호 233),
- [0081] TTK-A02-10-462(서열번호 254),
- [0082] URLC-A02-9-206(서열번호 271),
- [0083] URLC-A02-9-212(서열번호 272) 및
- [0084] URLC-A02-10-211(서열번호 288).
- [0085] 상기 펩티드는 HLA-A24 또는 HLA-A2에 의하여 제한되는 각 TAA의 에피토프 펩티드이다. 상기 항원이 거의 대부분의 암에서 과발현되고 종양세포 증식에 관여하고 있는 바, 상기 항원은 암에 대한 면역요법의 표적으로 유용하다. 예를 들어 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다.
- [0086] 따라서 본 발명은 개체 내 DH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질환, 예를 들면 암을 치료 또는 예방하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 대략 40개 아미노산 이하, 바람직하게는 20개 아미노산 이하, 더욱 바람직하게는 15개 아미노산 이하의 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 아미노산 서열을 포함하는 면역원성 펩티드를 개체에 투여하는 단계를 포함한다.
- [0087] 택일적으로, 상기 면역원성 펩티드는 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288에 기재된 아미노산 서열을 포함할 수 있으며, 이때 결과적으로 생기는 변형된 펩티드가 면역원성 활성(예를 들면 암과 같이 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포에서 특이적으로 CTL을 유도하는 능력)을 유지하는 한 1, 2 또는 몇 개(예를 들어 5개까지)의 아미노산이 치환, 결실 또는 부가될 수 있다.
- [0088] 치환, 결실, 또는 부가되는 잔기의 수는 일반적으로 5개 미만의 아미노산, 바람직하게는 4개 미만의 아미노산, 보다 바람직하게는 3개 미만의 아미노산, 한층 더 바람직하게는 1개 또는 2개 아미노산이다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되는 것은 아니다. 나아가 본 발명은 전술한 질병의 수술 후 재발을 예방하는 방법을 제공한다.
- [0089] 변이체 펩티드(예를 들면, 원래 아미노산 서열에서 한 개, 두 개 또는 몇 개 아미노산 잔기가 치환, 결실 또는 부가되어 변형된 아미노산 서열을 가지는 펩티드)는 본래의 생물학적 활성을 유지하는 것으로 알려져 있다(Mark DF *et al.*, 1984, *Proc Natl Acad Sci USA* 81: 5662-6; Zoller MJ 및 Smith M, 1982, *Nucleic Acid Res* 10:6487-500; Dalbadie-McFarland G *et al.*, 1982, *Proc Natl Acad Sci USA* 79: 6409-13). 본 발명에 있어서, 아미노산의 변형은 결과적으로 원래 아미노산 측쇄의 본래의 성질을 유지하는 것이 바람직하다(공지의 보존적 아미노산 치환 과정). 아미노산 측쇄의 성질의 예는, 소수성 아미노산(A, I, L, M, F, P, W, Y, V), 친수성 아미노산(R, D, N, C, E, Q, G, H, K, S, T), 및 하기의 작용기 또는 특징을 공통으로 가지는 측쇄를 가지는 것을 포함한다: 지방족 측쇄(G, A, V, L, I, P); 수산기를 포함하는 측쇄(S, T, Y); 황 원자를 포함하는 측쇄(C, M); 카르복실산 및 아미드를 포함하는 측쇄(D, N, E, Q); 염기를 포함하는 측쇄(R, K, H); 및 방향족을 포함하는 측쇄(H, F, Y, W). 괄호 안에 삽입된 문자는 아미노산의 단문자 코드를 나타내는 것에 유의하라.
- [0090] 바람직한 구체예에서, 상기 면역원성 펩티드는 노나펩티드(9-머) 또는 데카펩티드(10-머)이다.
- [0091] 본 발명은 나아가 암과 같은 개체 내의 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병의 종양 면역을 유도하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 본 발명의 면역원성 펩티드, 즉, 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217,

223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 아미노산 서열을 가지는 펩티드 또는 이들의 변이체[예를 들면, 한 개, 두 개 또는 몇 개(예를 들면, 5개 까지)의 아미노산 잔기가 치환, 결실 또는 부가된 것을 포함]를 필요에 따라 개체에 투여하는 단계를 포함한다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다.

[0092] 본 발명에 있어서, 상기 개체는 포유류인 것이 바람직하다. 전형적인 포유류는 예를 들면 인간, 비인간 영장류, 마우스, 래트, 개, 고양이, 말 또는 소를 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.

[0093] 본 발명에 있어서, 상기 펩티드는 개체에 *in vivo* 또는 *ex vivo* 프로토콜을 통해 투여될 수 있다. 더욱이, 본 발명은 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288(및 이들의 변이체)의 아미노산 서열을 포함하는 펩티드로부터 선별되는 노나펩티드 또는 데카펩티드를 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 또는 예방용 면역원성 조성물을 제조하기 위해 사용하는 용도를 제공한다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.

[0094] 상동성 분석을 통해 하기 펩티드가 어떠한 공지의 인간 유전자 산물로부터 유래된 펩티드와 유의한 상동성을 가지지 않는 것을 확인하였다.

[0095] CDH3-A24-9-513(서열번호 19),

[0096] CDH3-A24-9-406(서열번호 22),

[0097] CDH3-A24-10-807(서열번호 30),

[0098] CDH3-A24-10-332(서열번호 34),

[0099] CDH3-A24-10-655(서열번호 344),

[0100] CDH3-A24-10-470(서열번호 358),

[0101] EPHA4-A24-9-453(서열번호 41),

[0102] EPHA4-A24-9-5(서열번호 44),

[0103] EPHA4-A24-9-869(서열번호 46),

[0104] EPHA4-A24-9-420(서열번호 48),

[0105] EPHA4-A24-10-24(서열번호 78),

[0106] EPHA4-A02-9-501(서열번호 376),

[0107] EPHA4-A02-9-165(서열번호 379),

[0108] ECT2-A24-9-515(서열번호 80),

[0109] ECT2-A24-10-40(서열번호 100),

[0110] ECT2-A24-10-101(서열번호 101),

[0111] HIG2-A24-9-19(서열번호 110),

[0112] HIG2-A24-9-22(서열번호 111),

[0113] HIG2-A24-9-8(서열번호 387),

[0114] HIG2-A24-10-7(서열번호 112),

[0115] HIG2-A24-10-18(서열번호 394),

[0116] HIG2-A02-9-8(서열번호 114),

- [0117] HIG2-A02-9-15(서열번호 116),
- [0118] HIG2-A02-9-4(서열번호 117),
- [0119] HIG2-A02-10-8(서열번호 121),
- [0120] INHBB-A24-9-180(서열번호 395),
- [0121] INHBB-A24-10-180(서열번호 133),
- [0122] INHBB-A24-10-305(서열번호 135),
- [0123] INHBB-A24-10-7(서열번호 137),
- [0124] INHBB-A24-10-212(서열번호 426),
- [0125] KIF20A-A24-9-305(서열번호 174),
- [0126] KIF20A-A24-9-383(서열번호 178),
- [0127] KIF20A-A24-10-304(서열번호 186),
- [0128] KIF20A-A24-10-66(서열번호 194),
- [0129] KNTC2-A24-9-309(서열번호 196),
- [0130] KNTC2-A24-9-124(서열번호 202),
- [0131] KNTC2-A24-9-154(서열번호 210),
- [0132] KNTC2-A24-9-150(서열번호 213),
- [0133] KNTC2-A24-10-452(서열번호 214),
- [0134] KNTC2-A24-10-227(서열번호 217),
- [0135] KNTC2-A24-10-273(서열번호 223),
- [0136] TTK-A02-9-462(서열번호 227),
- [0137] TTK-A02-9-547(서열번호 228),
- [0138] TTK-A02-9-719(서열번호 233),
- [0139] TTK-A02-10-462(서열번호 254),
- [0140] URLC-A02-9-206(서열번호 271),
- [0141] URLC-A02-9-212(서열번호 272) 및
- [0142] URLC-A02-10-211(서열번호 288).

[0143] 따라서 상기 분자에 대한 면역요법에서 미지의 또는 바람직하지 않은 면역 반응의 가능성은 상당히 감소되었다.

[0144] 본 명세서에 기재된 데이터는 HLA 항원에 있어서, A-24형 또는 A-2형 항원(일본인에게서 높게 발현되는 것으로 알려져 있음)을 사용하는 것이 효과적인 결과를 얻기에 유리하다고 나타낸다. A-2402 및 A0201과 같은 서브타입의 사용이 더욱 바람직하다. 전형적으로, 임상 시험에서 치료가 필요한 환자의 HLA 항원의 형태를 미리 조사하여 환자 항원에 대하여 높은 결합 친화도를 가지거나, 항원 제시에 의하여 세포독성 T 세포(CIT) 유도능(inducibility)을 갖는 적절한 펩티드를 선별할 수 있다. 또한, 높은 결합 친화도 및 CTL 유도능을 가지는 펩티드를 얻기 위하여 자연적으로 존재하는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10의 부분 펩티드의 아미노산 서열을 기반으로 하여 하나, 두 개 또는 몇 개(예를 들면, 5개 까지)의 아미노산이 치환, 결실 또는 부가될 수 있다. 본 명세서에서 용어 “몇 개의”는 5개 이하, 더욱 바람직하게는 3 이하를 의미한다. 더욱이, 자연에 존재하는 펩티드에 추가로 HLA 항원에 결합함으로써 제시되는 펩티드들의 서열의 규칙성이 이미 알려져 있기 때문에(Kubo RT *et al.*, 1994, *j. Immunol.*, 152, 3913-24; Rammensee HG *et al.*, 1995, *Immunogenetics*. 41: 178-228; Kondo A, *et al.*, 1995, *j. Immunol.* 155: 4307-12), 본 발명의 면역원성 펩티드들을 상기 규칙성에 기반을 두어 변형할 수 있다. 예를 들어, N-말단의 두 번째 아미노산이 페닐알라

닌, 티로신, 메티오닌, 또는 트립토판으로 치환된 높은 HLA-24 결합 친화도를 가지는 펩티드를 사용하는 것이 바람직할 수 있다. 이와 유사하게, C-말단 아미노산이 페닐알라닌, 루신, 이소루신, 트립토판, 또는 메티오닌으로 치환된 펩티드를 사용하는 것도 바람직할 수 있다. 한편, N-말단의 두 번째 아미노산이 루신 또는 메티오닌으로 치환된 높은 HLA-A2 결합 친화도를 가지는 펩티드 및, C-말단 아미노산이 발린 또는 루신으로 치환된 펩티드를 사용하는 것이 바람직할 수 있다. 상기 치환은 말단 아미노산뿐만 아니라 펩티드의 잠재적 TCR 인식 위치에서도 일어날 수 있다. 몇몇의 연구에서 펩티드의 아미노산 치환물이(예를 들어 CAP1, p53₍₂₆₄₋₂₇₂₎, Her-2/neu₍₃₆₉₋₃₇₇₎ 또는 gp100₍₂₀₉₋₂₁₇₎ 등이) 원래의 것과 유사하거나, 더 우수할 수 있음이 증명되었다(Zaremba *et al.*, *Cancer Res.* 57, 4570-4577, 1997; t. k. Hoffmann *et al.*, *J Immunol.* 2002, 168(3): 1338-47; s. o. Dionne *et al.*, *cancer Immunol immunother.* 2003, 52: 199-206 및 s. o. Dionne *et al.*, *cancer Immunology, Immunotherapy*, 2004, 53, 307-314). 더욱이, 하나 또는 두 개 아미노산을 펩티드의 N-말단 및/또는 C-말단에 부가하는 것이 가능할 수 있다.

[0145] 그러나 상기 펩티드 서열이 다른 기능을 가지는 내인성 또는 외인성 단백질의 아미노산 서열의 일부와 동일할 경우, 자가 면역 장애 또는 특정 물질에 대한 알레르기 증상과 같은 부작용이 유발될 수 있다. 그러므로 공지된 단백질의 아미노산 서열과 일치하는 면역원성 서열은 피하는 것이 바람직하다. 이러한 경우는 이용 가능한 데이터베이스를 이용하여 상동성 검색을 수행함으로써 피할 수 있다. 하나, 두 개 또는 몇 개의 아미노산이 다른 펩티드가 자연에 존재하지 않는 것이 상동성 검색으로 확인될 경우, 예를 들어, HLA 항원에 대한 결합 친화도가 증가된 및/또는 CTL 유도능이 증가된 상기 아미노산 서열의 변형에 의한 위험을 피할 수 있다.

[0146] 전술한 바와 같이 HLA 항원에 대한 높은 결합 친화도를 가지는 펩티드가 암 백신으로 상당히 효과적인 것으로 기대되지만, 높은 결합 친화도의 존재를 지표로 하여 선별된 후보 펩티드가 실제로 CTL 유도능이 있는지 여부는 확인할 필요가 있다. CTL 유도능은 인간 MHC 항원을 갖는 항원 제시 세포(예를 들어, B 림프구, 대식세포 및 수상돌기 세포), 또는 보다 구체적으로 인간 말초혈액 단핵구 유래의 수상돌기 세포를 펩티드로 자극하여 유도한 후, CD8 양성 세포를 혼합한 다음, 표적 세포에 대한 세포독성 활성을 측정함으로써 일반적으로 확인할 수 있다. 반응 시스템으로서 사람 HLA 항원을 발현시키도록 제작된 형질전환 동물(BenMohamed L *et al.*, 2000, *Hum. Immunol.*; 61(8): 764-79 Related Articles, Books, Linkout)이 이용될 수 있다. 예를 들어, 상기 표적 세포는 ⁵¹Cr 등으로 방사선 표지될 수 있으며, 세포독성 활성은 상기 표적세포에서 방출된 방사능으로부터 계산될 수 있다. 택일적으로, 고정화된(immobilized) 펩티드를 갖는 항원 제시 세포의 존재 하에서 CTL에 의해 생성 및 방출된 IFN-감마를 측정함으로써, 및 항 IFN-감마 단일클론 항체를 사용하여 배지 내 저해 영역(inhibition zone)을 가시화함으로써 측정될 수 있다.

[0147] 전술한 바와 같이 펩티드의 CTL 유도능을 조사한 결과, HLA 항원에 대하여 높은 결합 능력을 갖는 펩티드가 반드시 높은 유도능을 갖는 것은 아니라는 것이 확인되었다. 그러나 하기와 같은 펩티드의 아미노산 서열로 기재되는 펩티드로 구성된 군으로부터 선택되는 노나펩티드 또는 데카펩티드는 더욱 높은 CTL 유도능을 보였다.

[0148] CDH3-A24-9-513(서열번호 19),

[0149] CDH3-A24-9-406(서열번호 22),

[0150] CDH3-A24-10-807(서열번호 30),

[0151] CDH3-A24-10-332(서열번호 34),

[0152] CDH3-A24-10-655(서열번호 344),

[0153] CDH3-A24-10-470(서열번호 358),

[0154] EPHA4-A24-9-453(서열번호 41),

[0155] EPHA4-A24-9-5(서열번호 44),

[0156] EPHA4-A24-9-869(서열번호 46),

[0157] EPHA4-A24-9-420(서열번호 48),

[0158] EPHA4-A24-10-24(서열번호 78),

[0159] EPHA4-A02-9-501(서열번호 376),

- [0160] EPHA4-A02-9-165(서열번호 379),
- [0161] ECT2-A24-9-515(서열번호 80),
- [0162] ECT2-A24-10-40(서열번호 100),
- [0163] ECT2-A24-10-101(서열번호 101),
- [0164] HIG2-A24-9-19(서열번호 110),
- [0165] HIG2-A24-9-22(서열번호 111),
- [0166] HIG2-A24-9-8(서열번호 387),
- [0167] HIG2-A24-10-7(서열번호 112),
- [0168] HIG2-A24-10-18(서열번호 394),
- [0169] HIG2-A02-9-8(서열번호 114),
- [0170] HIG2-A02-9-15(서열번호 116),
- [0171] HIG2-A02-9-4(서열번호 117),
- [0172] HIG2-A02-10-8(서열번호 121),
- [0173] INHBB-A24-9-180(서열번호 395),
- [0174] INHBB-A24-10-180(서열번호 133),
- [0175] INHBB-A24-10-305(서열번호 135),
- [0176] INHBB-A24-10-7(서열번호 137),
- [0177] INHBB-A24-10-212(서열번호 426),
- [0178] KIF20A-A24-9-305(서열번호 174),
- [0179] KIF20A-A24-9-383(서열번호 178),
- [0180] KIF20A-A24-10-304(서열번호 186),
- [0181] KIF20A-A24-10-66(서열번호 194),
- [0182] KNTC2-A24-9-309(서열번호 196),
- [0183] KNTC2-A24-9-124(서열번호 202),
- [0184] KNTC2-A24-9-154(서열번호 210),
- [0185] KNTC2-A24-9-150(서열번호 213),
- [0186] KNTC2-A24-10-452(서열번호 214),
- [0187] KNTC2-A24-10-227(서열번호 217),
- [0188] KNTC2-A24-10-273(서열번호 223),
- [0189] TTK-A02-9-462(서열번호 227),
- [0190] TTK-A02-9-547(서열번호 228),
- [0191] TTK-A02-9-719(서열번호 233),
- [0192] TTK-A02-10-462(서열번호 254),
- [0193] URLC-A02-9-206(서열번호 271),
- [0194] URLC-A02-9-212(서열번호 272) 및
- [0195] URLC-A02-10-211(서열번호 288).

- [0196] 전술한 바와 같이, 본 발명은 세포독성 T 세포 유도능을 가지는 펩티드, 즉, 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 아미노산 서열을 가지는 펩티드 또는 이들의 변이체(예를 들면, 상기에서 1, 2 또는 몇 개의 아미노산이 치환, 결실 또는 부가된 변이체)를 제공한다.
- [0197] 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288로 표시된 9 또는 10개 아미노산으로 구성된 아미노산 서열 또는 이들의 변이체가 다른 관련된 내인성 단백질의 아미노산 서열과 일치하지 않는 것이 바람직하다.
- [0198] 특히, N-말단의 두 번째 아미노산을 루신 또는 메티오닌으로 아미노산 치환, C-말단 아미노산을 발린 또는 루신으로 아미노산 치환, 및 N-말단 및/또는 C-말단에 한 개 내지 두 개 아미노산 부가가 변이체의 바람직한 예이다.
- [0199] 당업자는 아미노산의 치환 및 부가에 추가로, 펩티드들의 면역학적 활성 단편이 본 발명의 방법에서 이용될 수 있다는 것을 알 수 있을 것이다. 활성 단편을 결정하는 방법은 당업계에 잘 알려져 있다. 상기 변형된 펩티드로 자극함으로써 얻어진 CTL 클론은 원래의 펩티드를 인지할 수 있고 원래의 펩티드를 발현하는 세포에 장애를 줄 수 있다.
- [0200] 본 발명의 펩티드는 공지 기술을 이용하여 제작될 수 있다. 예를 들어, 상기 펩티드는 재조합 DNA 기술 또는 화학 합성을 이용하여 합성에 의해 제조될 수 있다. 본 발명의 펩티드는 개별적으로 또는 두 개 이상의 펩티드로 구성된 보다 긴 폴리펩티드로 합성될 수 있다. 본 발명의 펩티드는 바람직하게는 분리되고 즉, 자연적으로 존재하는 다른 숙주세포의 단백질 및 이들의 단편을 실질적으로 포함하지 않는다.
- [0201] 본 발명의 펩티드는 그 변형이 본 명세서에서 기재된 것과 같은 상기 펩티드의 생물학적 활성, 즉, HLA 항원에 결합하는 능력 및 CTL을 유도하는 능력을 소실하지 않는 한 글리코실화, 측쇄 산화, 또는 인산화와 같은 변형을 포함할 수 있다. 다른 변형은 상기 펩티드의 혈청 내 반감기를 증가시킬 수 있는 D-아미노산 또는 다른 아미노산 미메틱스의 도입을 포함한다.
- [0202] 또한, 본 발명은 하기 단계를 포함하는 1, 2 또는 몇 개의 아미노산이 치환된 펩티드의 스크리닝 방법을 포함할 수 있고, 상기 펩티드는 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217 및 223으로 구성된 군으로부터 선별된 아미노산 서열을 포함한다:
- [0203] (a) 1, 2 또는 몇 개의 아미노산이 치환된 펩티드의 전체 서열에 대해, 유의한 서열 상동성이 없는 것을 확인하는 단계;
- [0204] (b) 후보의 치환 펩티드의 CTL 유도능을 측정하는 단계; 및,
- [0205] (c) CTL 유도능이 원래의 펩티드와 같거나 더 높은 펩티드를 선별하는 단계.
- [0206] 예를 들어, 바람직한 구체예에서, 본 발명은 적어도 하나의 종양-관련 항원을 발현하는 세포에 대한 CTL을 유도하는 능력을 가지는 펩티드의 식별 방법을 제공하고, 상기 종양-관련 항원은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10으로 구성된 군으로부터 선별되는 항원이며, 상기 방법은 하기 단계를 포함한다:
- [0207] (i) 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217 또는 223로 구성된 군으로부터 선별되는 원래 아미노산 서열에서 1, 2 또는 몇 개의 아미노산 잔기가 치환, 결실, 또는 부가에 의해 변형된 아미노산 서열로 구성된 적어도 하나의 후보 서열을 제공 또는 생성하는 단계;
- [0208] (ii) 상기 종양-관련 항원이 아닌 어떠한 공지 인간 유전자 산물로부터 유래된 펩티드와 실제로 유의한 상동성을 가지지 않는 후보 서열을 선별하는 단계;
- [0209] (iii) 상기 단계 (ii)에서 선별된 후보 서열로 구성되는 펩티드를 항원 제시 세포와 접촉시키는 단계;
- [0210] (iv) 상기 펩티드가 T-세포를 자극하는 능력을 판단하기 위하여 상기 단계 (iii)의 항원 제시 세포와 T-세포를 접촉시키는 단계; 및,

- [0211] (v) 원래 아미노산 서열로 구성되는 펩티드와 CTL 유도능이 비슷하거나 더 높은 펩티드를 식별하는 단계.
- [0212] 바람직하게는, 상기 아미노산은 아미노산 측쇄의 성질이 보존되는 다른 아미노산으로 치환될 수 있다(보존적 아미노산 치환으로 알려진 공지 방법). 아미노산 측쇄의 성질의 예로는 소수성 아미노산(A, I, L, M, F, P, W, Y, V), 친수성 아미노산(R, D, N, C, E, Q, G, H, K, S, T), 및 하기의 작용기 또는 특징을 공통적으로 가지는 측쇄를 가지는 것을 포함한다: 지방족 측쇄(G, A, V, L, I, P); 수산기를 포함하는 측쇄(S, T, Y); 황 원자를 포함하는 측쇄(C, M); 카르복실산 및 아마이드를 포함하는 측쇄(D, N, E, Q); 염기를 포함하는 측쇄(R, K, H); 및 방향족을 포함하는 측쇄(H, F, Y, W). 여기서, 괄호 안에 삽입된 문자는 아미노산의 단문자 코드를 나타내는 것에 유의하라. 본 발명에 있어서, 실제로 유의한 상동성은 예를 들어, 공지 인간 유전자 산물과 비교하여 90% 이상, 바람직하게는 95% 이상, 더욱 바람직하게는 99% 이상 또는 100% 동일성이다.
- [0213] 본 발명의 펩티드는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질환, 예를 들면 암에 대한 백신으로 예를 들면, *in vivo*에서 CTL을 유도할 수 있는 백신으로 사용하기 위하여, 본 발명의 펩티드를 두 개 이상 포함하는 조성물로 제공될 수 있다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다. 상기 펩티드는 각테일 중에 포함되거나 표준 기술을 이용하여 서로 결합될 수 있다. 예를 들어, 상기 펩티드는 단일 폴리펩티드 서열로 발현될 수 있다. 상기 조성물의 펩티드는 같거나 다를 수 있다.
- [0214] 본 발명의 펩티드를 투여함으로써, 상기 펩티드는 항원 제시 세포의 HLA 항원에 고밀도로 제시되고, 결과적으로 제시된 펩티드 및 HLA 항원 사이에 형성된 복합체에 특이적으로 반응하는 CTL을 유도한다. 택일적으로, 개체로부터 유래한 수상돌기 세포를 제거함으로써 수득한, 본 발명의 펩티드를 그 세포 표면에 고정화하고 있는 항원 제시 세포는 본 발명의 펩티드에 의해 자극될 수 있다. 각 개체에 상기 세포들을 재투여 함으로써 CTL을 유도하고, 그 결과 표적 세포에 대한 공격성을 증가시킬 수 있다.
- [0215] 보다 구체적으로, 본 발명은 본 발명의 하나 이상의 펩티드 또는 상기 펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 증식 및 전이의 치료 및/또는 예방을 위한 약제를 제공한다. 본 발명의 펩티드 또는 폴리뉴클레오티드는 예를 들면, 암과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10과 관련된 질병의 치료에 특히 유용하다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.
- [0216] 본 발명의 펩티드는 종래의 제조 방법에 의해 제조된 약학적 조성물로 개체에 직접 투여할 수 있다. 그러한 경우, 본 발명의 펩티드 외에 추가로 약제에 통상적으로 이용되는 담체, 부형제 등을 특별한 제한 없이 포함할 수 있다. 본 발명의 면역원성 조성물은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 및 예방을 위한 용도로 사용될 수 있다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.
- [0217] 유효성분으로 본 발명의 펩티드를 하나 이상 포함하는, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 및/또는 예방용 면역원성 조성물은 세포 면역이 효과적으로 확립되도록 아쥘반트(adjuvant)를 추가로 포함할 수 있다. 혹은, 상기 조성물은 항암제와 같은 다른 유효 성분과 함께 투여될 수 있다.
- [0218] 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다. 적절한 제형은 과립(granule)을 포함한다. 적절한 아쥘반트는 문헌에 기재되어 있다 (Johnson AG, 1994, *Clin. Microbiol. Rev.* 7: 277-89).
- [0219] 아쥘반트의 예로는, 인산 알루미늄, 수산화알루미늄, 및 백반(alum)을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 더욱이, 리포솜 제제 약물이 수 마이크로미터(few-micrometer) 직경 비드(beads)에 결합할 수 있는 과립 제제, 및 지질이 펩티드에 결합하고 있는 제제가 편의적으로 이용될 수 있다. 투여 방법은 경구투여, 피내 주사, 피하 주사, 정맥 내 주사 등이 될 수 있으며, 전신 투여 또는 표적 종양 부근에의 국소 투여를 포함할 수 있다.
- [0220] 본 발명의 펩티드의 용량은 치료해야 할 질병, 환자의 연령, 체중, 투여 방법 등에 따라 적절히 조절할 수 있다.

용량은 보통 0.001 mg 내지 1000 mg, 바람직하게는 0.01 mg 내지 100 mg, 더욱 바람직하게는 0.1 mg 내지 10 mg이며, 수일 내지 수개월에 1회씩 투여되는 것이 바람직하지만, 당업자라면 적절한 용량 및 투여 방법을 당업계의 통상적인 기술 범의 내에서 이러한 파라미터의 선별 및 최적화를 용이하게 선택할 수 있을 것이다.

[0221] 본 발명은 나아가 본 발명의 펩티드 및 HLA 항원 사이에 형성된 복합체를 그 표면에 제시하는 엑소솜(exosome)으로 불리는 세포내 소포(intracellular vesicles)를 제공한다. 엑소솜은 예를 들어, 일본어로 번역되어 국제 공개된 국제 공개 특허 제 11-510507호 및 제 2000-512161호의 공보에 상세하게 기재된 방법을 이용하여 제조할 수 있으며, 치료 및/또는 예방의 표적인 개체로부터 얻은 항원 제시 세포를 사용하여 제조되는 것이 바람직하다. 본 발명의 엑소솜은 본 발명의 펩티드와 유사하게 암 백신으로서 적용할 수 있다.

[0222] 상기에서 사용한 HLA 항원의 형태는 치료 및/또는 예방을 필요로 하는 개체의 형태와 반드시 일치해야 한다. 예를 들어, 일본인 집단에서는 HLA-A24 또는 HLA-A2, 바람직하게는 HLA-A2402 또는 HLA-A0201이 적절하다.

[0223] 몇몇 구체예에서, 본 발명의 백신 조성물은 세포 독성 T 임파구를 최초로 자극하는 성분을 포함한다. 지질은 바이러스 항원에 대하여 *in vivo*로 CTL을 자극하는 능력이 있는 제제로 확인되었다. 예를 들어, 팔미틴산(palmitic acid) 잔기는 리신 잔기의 엡실론-및 알파-아미노(epsilon-and alpha-amino) 그룹에 부착하여 본 발명의 면역원성 펩티드에 결합될 수 있다. 지질이 부가된 펩티드는 마이셀(micelle) 또는 입자(particle) 내에 넣은 후 직접 투여하거나, 리포솜에 주입시키거나, 아췌반트에 용해시켜 투여할 수 있다. CTL 반응에서 지질 최초 자극의 또 다른 예로는 트리팔미토일-에스-글리세릴시스테인세린-세린(tripalmitoyl-S-glycerylcysteinylserine; P3CSS)과 같은 대장균 지질단백질이 적절한 펩티드에 공유결합으로 부착하는 결합하는 경우, CTL을 자극하는데 이용될 수 있다(Deres K *et al.*, 1989, *Nature* 342: 561-4).

[0224] 상기 본 발명의 면역원성 조성물은 본 명세서에 기재된 하나 이상의 면역원성 펩티드를 코딩하는 핵산을 추가로 포함할 수 있다. 예를 들면, Wolff JA *et al.*, 1990, *Science* 247: 1465-8; 미국특허 제5,580,859호; 미국특허 제5,589,466호; 미국특허 제5,804,566호; 미국특허 제5,739,118호; 미국특허 제5,736,524호; 미국특허 제5,679,647호; 및 국제특허 제98/04720호 문헌을 참조한다. DNA-기반 전달 기술의 예로는 “노출된 DNA(naked DNA)”, 촉진된(facilitated)(부피비카인(bupivacaine), 폴리머(polymer), 펩티드-중개) 전달, 양이온 지질 복합체 및 입자-매개("유전자 총(gene gun)") 또는 압력-중개 전달이 있다(미국 특허 번호 제5,922,687호 참조)

[0225] 또한 본 발명의 면역원성 펩티드는 바이러스 벡터 또는 박테리아 벡터에 의하여 발현될 수 있다. 적절한 발현 벡터의 예는 백신시아(vaccinia) 또는 계두(fowlpox)와 같은, 약화된 바이러스 숙주를 포함한다. 이러한 접근은 예를 들어, 펩티드를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 발현시킬 수 있는 벡터로서, 백신시아 바이러스의 용도를 포함한다. 숙주에 도입함에 따라 재조합 백신시아 바이러스는 면역원성 펩티드를 발현시킴으로써 면역 반응을 유도한다. 면역화 프로토콜에 있어서 유용한 백신시아 벡터 및 방법은 예를 들면, 미국 특허 제 4,722,848호에 기재되어 있다. 그 밖에 적합한 또 다른 벡터는 BCG(Bacille Calmette Guerin)이다. BCG 벡터는 Stover CK, *et al.*, 1991, *Nature* 351:456-60에 기재되어 있다. 치료적 투여 또는 면역화에 유용한 광범위의 다양한 다른 벡터, 예를 들면, 아데노 및 아데노-연관 바이러스 벡터, 레트로 바이러스 벡터, 살모넬라 타이피(Salmonella typhi) 벡터, 해독화 탄저 독소 벡터(detoxified anthrax toxin vector) 등이, 당해 기술 분야에 있어 공지이다. 예컨대 Shata MT, *et al.*, 2000, *Moi. Med. Today* 6: 66-71; Shedlock DJ and Weiner DB., 2000, *J. Leukoc. Biol.* 68: 793-806; 및 Hipp JD, *et al.*, 2000, *in vivo* 14: 571-85를 참조한다.

[0226] 본 발명은 또한 본 발명의 하나 이상의 펩티드를 사용하여 항원 제시 세포를 유도하는 방법을 제공한다. 상기 항원 제시 세포는 말초혈액 단핵구로부터 수상 돌기 세포를 유도하고, 이들을 *in vitro*, *ex vivo* 또는 *in vivo*에서 본 발명의 하나 이상의 펩티드와 접촉(자극)시킴으로써 유도할 수 있다. 본 발명의 펩티드가 개체에 투여되었을 때, 본 발명의 펩티드가 고정된 항원 제시 세포가 개체의 체내에서 유도된다. 택일적으로, 본 발명의 펩티드가 항원 제시 세포에 고정된 다음, 상기 세포는 백신으로서 개체로 투여될 수 있다. 예를 들어, 상기 *ex vivo* 투여는 하기 단계를 포함할 수 있다:

[0227] a: 개체로부터 항원 제시 세포를 수집하는 단계, 및

[0228] b: 본 발명의 펩티드와 단계 a의 항원 제시 세포를 접촉시키는 단계.

[0229] 또는, 본 발명에 따라 항원 제시 세포를 유도하는 약학적 조성물을 제조하기 위한 본 발명의 펩티드의 용도를 제공한다. 나아가, 본 발명은 항원 제시 세포를 유도하기 위한 본 발명의 펩티드를 추가로 제공한다. 상기 단계 b에서 수득한 항원 제시 세포는 백신으로서 개체에 투여될 수 있다.

[0230] 본 발명은 본 발명의 하나 이상의 펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드로 구성된 유전자를 *in vitro*로 항원 제

시 세포에 도입하는 단계를 포함하는, 높은 수준의 세포독성 T 세포 유도능을 가지는 항원 제시 세포를 유도하는 방법을 추가로 제공한다. 상기에서 도입된 유전자는 DNA 또는 RNA의 형태일 수 있다. 도입 방법에 있어서, 리포펙션(lipofection), 전기천공법(electro-poration) 및 인산 칼슘 방법(calcium phosphate method) 등 당업계에서 전통적으로 사용되는 다양한 방법이 특별한 제한 없이 적절히 이용될 수 있다. 보다 자세하게는, 상기 주입은 Reeves ME *et al.*, 1996, *Cancer Res.*, 56: 5672-7; Butterfield LH *et al.*, 1998, *J. Immunol.*, 161: 5607-13; Boczkowski D *et al.*, 1996, *J. Exp. Med.*, 184: 465-72; 및, 일본어 번역판으로 공개된 국제 공개특허 제 2000-509281호에 기재된 대로 수행될 수 있다. 상기 유전자를 항원 제시 세포에 형질도입시킴으로써, 상기 유전자는 상기 세포 내에서 전사, 번역 등의 과정을 거치게 되며, 그 결과 얻어진 단백질은 MHC 클래스 I 또는 클래스 II에 의하여 프로세싱 되고, 제시 경로를 거쳐 부분 펩티드를 제시한다.

[0231] 나아가 본 발명은 본 발명의 펩티드를 하나 이상 사용하여 CTL을 유도하는 방법을 제공한다. 본 발명의 펩티드가 개체에 투여되었을 때, 개체의 체내에서 CTL이 유도되고, 이에 따라 예를 들면, 종양 조직의 암 세포와 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포를 표적으로 하는 면역계가 강화된다.

[0232] 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다. 택일적으로, 본 발명의 펩티드는 개체 유래의 항원 제시 세포 및 CD8 양성 세포 또는, *in vitro*에서 하나 이상의 본 발명의 펩티드와 접촉한(자극된) 말초혈액 단핵구가 CTL을 유도한 후, 세포를 개체로 돌려놓는, *ex vivo* 치료 방법에 대한 내용을 사용할 수 있다. 예를 들어, 상기 방법은 하기의 단계를 포함할 수 있다:

[0233] a: 개체로부터 항원 제시 세포를 수집하는 단계,

[0234] b: 본 발명의 펩티드와 단계 a의 항원 제시 세포를 접촉시키는 단계,

[0235] c: 세포독성 T 세포를 유도하기 위해서, 단계 b의 항원 제시 세포를 CD8 양성 T 세포와 혼합하여 함께 배양하는 단계, 및,

[0236] d: 단계 c에서 함께 배양된 배양물로부터 CD8 양성 T 세포를 수집하는 단계.

[0237] 택일적으로, 본 발명에 따라 CTL을 유도하는 약학적 조성물의 제조를 위한 본 발명의 펩티드의 용도를 제공한다. 나아가, 본 발명은 CTL을 유도하기 위한 본 발명의 펩티드를 추가로 제공한다. 상기 단계 b에서 수득한 세포독성 활성을 가지는 CD8⁺ T 세포는 백신으로서 개체에 투여될 수 있다.

[0238] 본 발명은 나아가 본 발명의 펩티드를 이용하여 유도된, 분리된 세포독성 T 세포를 제공한다. 본 발명의 하나 이상의 펩티드를 제시하는 항원 제시 세포로 자극시킴으로써 유도된 상기 세포독성 T 세포는 치료 및/또는 예방할 표적인 개체로부터 유래한 것이 바람직하며, 단독으로 또는, 항암 활성을 가지는 본 발명의 펩티드 또는 엑소솜을 하나 이상 포함하는 다른 약제와의 조합으로 투여될 수 있다. 상기에서 수득한 세포독성 T 세포는 본 발명의 펩티드 또는 바람직하게는 유도 시 이용된 것과 동일한 펩티드를 제시하는 표적 세포에 특이적으로 반응한다. 상기 표적 세포는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 내재적으로 발현하거나, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10 유전자로 형질도입된 세포이다. 본 발명의 펩티드로 자극하여 상기 펩티드를 세포 표면에 제시하는 세포는 공격하거나, 공격의 표적이 될 수 있다.

[0239] 또한 본 발명은 HLA 항원과 한 개 이상의 본 발명의 펩티드와의 사이에 형성된 복합체를 제시하는 항원 제시 세포를 제공한다. 본 발명의 펩티드 또는 상기 펩티드를 코딩하는 뉴클레오티드를 접촉시킴으로써 얻은 항원 제시 세포는 바람직하게는, 치료 및/또는 예방의 표적인 개체로부터 유래하며, 단독으로 또는, 본 발명의 펩티드, 엑소솜 또는 세포 독성 T 세포를 포함하는 다른 약제와 조합하여 백신으로서 투여할 수 있다.

[0240] 또한 본 발명은 T 세포 수용체(T cell receptor; TCR)의 서브 유닛을 구성할 수 있는 폴리펩티드를 코딩하는 핵산을 포함하는 조성물 및 이의 이용 방법을 제공한다. 상기 TCR 서브유닛은 T 세포에 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10을 제시하는 암세포에 대한 특이성을 부여하여 TCR을 형성하는 능력을 가진다. 당업계에 이미 알려진 방법을 이용하여 하나 이상의 본 발명의 펩티드로 유도된 CTR의 TCR 서브유닛으로, 상기 핵산의 알파 및 베타쇄를 확인할 수 있다(국제 특허 제 2007/032255호 및 Morgan *et al.*, *J Immunol*, 171, 3288, 2003). 유도체(derivative) TCR는 바람직하게는 높은 결합 활성으로 CDH3, EPHA4, ECT2,

HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10 펩티드를 제시하는 표적 세포와 결합하여, *in vivo* 및 *in vitro* 에서 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10을 제시하고 있는 표적 세포의 효과적인 세포 사멸을 매개한다.

[0241] TCR 서브 유닛을 코딩하는 핵산은 예를 들면, 레트로바이러스 벡터와 같은 적절한 벡터에 삽입할 수 있다. 이러한 벡터는 당업계에 이미 잘 알려져 있다. 일반적으로 상기 TCR 서브유닛을 포함하는 벡터 또는 핵산은 T 세포 형질도입할 수 있으며, 이때 T 세포는 환자에게서 유래된 것이 바람직하다. 또한, 본 발명은 뛰어난 암 세포 살상 능력을 가지는 변형된 T 세포를 신속하고 용이하게 공급하기 위하여, 환자 자신의 T 세포(또는 다른 포유류의 T 세포)를 신속히 변형시킬 수 있는 오프-더-셸프(off-the-shelf)조성물을 제공한다.

[0242] 또한, 본 발명은 예를 들면, HLA-A 24 또는 HLA-A2와 관련하여 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10 펩티드와 결합하는 TCR 서브유닛 폴리펩티드를 코딩하는 핵산을 형질도입(transduction)하여 제조된 CTL를 제공한다. 형질도입된 CTL는 *in vivo*에서 암 세포로 유도(homing)할 수 있으며, *in vitro*에서 공지의 배양 방법에 의하여 증식된다(Kawakami *et al.*, *J Immunol.*, 142, 3452-3461, 1989). 본 발명의 T 세포는 치료 또는 예방을 필요로 하는 환자의 암 치료 또는 예방에 유용한 면역원성 조성물의 제조에 이용할 수 있다(국제 특허 제 2006/031221호).

[0243] 본 발명에 있어서, 용어 "백신"(또한, 면역원성 조성물이라고도 지칭함)은 동물에 접종 시 항암 면역 또는 암 억제제를 유도하는 물질을 가리킨다. 본 발명에 있어서, HLA-A24로 제한되는 에피토프 펩티드인 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217 또는 223의 아미노산 서열을 가지는 폴리펩티드 및, HLA-A2로 제한되는 에피토프 펩티드인 서열번호 376, 379, 114, 116, 117, 121, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드는 예를 들면, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 암세포와 같이 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포에 강하고 특이적인 면역반응을 유도할 수 있다. 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.

[0244] 그러므로 본 발명은 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 아미노산 서열 또는 그 변이체(예를 들면, 1, 2 또는 몇 개(예를 들면, 5개 까지)의 아미노산이 치환, 결실 또는 부가된)를 가지는 폴리펩티드를 사용하여 항암 면역을 유도하는 방법을 추가로 포함한다. 일반적으로, 항암 면역는 하기와 같은 면역 반응을 포함한다:

[0245] - CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포를 포함하는 종양에 대한 세포독성 임파구를 유도하는 단계,

[0246] - CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포를 포함하는 종양을 인지하는 항체를 유도하는 단계, 및,

[0247] - 항암 사이토카인의 생성을 유도하는 단계.

[0248] 따라서 특정 펩티드를 동물에 접종하여 상기의 면역 반응들 중 하나를 유도하는 경우, 상기 펩티드는 항암 면역 유도 효과가 있다고 결정된다. 펩티드에 의한 항암 면역의 유도는 *in vivo* 또는 *in vitro*에서 펩티드에 대한 숙주의 면역계의 반응을 관찰함으로써 확인할 수 있다.

[0249] 예를 들어, 세포독성 T 임파구의 유도를 검출하는 방법은 공지이다. 생체에 침입한 이물질은 항원 제시 세포(APC)의 작용에 의하여 T 세포 및 B 세포에 제시된다. 항원 특이적 방법에서 APC에 의해 제시된 항원에 반응하는 T 세포는 항원의 자극에 의하여, 세포독성 T 세포로 분화하고, 증식하는데, 이러한 과정을 분 명세서에서는 T 세포의 "활성화"라고 지칭한다. 따라서 특정 펩티드에 의한 CTL 유도는, 상기 펩티드를 APC에 의해 T 세포로 제시하여 CTL 유도를 검출함으로써 평가할 수 있다. 또한, APC는 CD4⁺ T 세포, CD8⁺ T 세포, 마크로파지, 호산구(eosinophils), 및 NK세포를 활성화하는 효과를 갖는다. CD4⁺ T 세포는 또한 항암 면역에 있어 중요하기 때문에, 펩티드의 항암 면역 유도 작용은 상기 세포들의 활성화 효과를 지표로 이용하여 평가할 수 있다.

- [0250] 수상돌기 세포(DC)를 APC로 이용하여 CTL의 유도 작용을 평가하는 방법은 당업계에 있어 주지이다. DC는 APC 중 가장 강한 CTL 유도 작용을 갖는 대표적인 APC이다. 상기 방법에 있어서, 먼저 시험 폴리펩티드를 DC에 접촉시키고, 그 후 상기 DC를 T 세포와 접촉시킨다. DC와 접촉시킨 후 대상이 되는 세포에 대하여 세포독성 효과를 갖는 T 세포의 검출은 상기 시험 폴리펩티드가 세포독성 T 세포를 유도하는 활성을 갖는다는 것을 의미한다. 암에 대한 CTL의 활성은 예를 들면, ⁵¹Cr-표지된 암세포의 용해를 지표로 이용하여 검출할 수 있다. 또는, 3H-티미딘(thymidine) 흡수(uptake) 활성 또는 LDH(lactose dehydrogenase) 방출을 지표로 이용하여 암세포 손상의 정도를 평가하는 것도 이미 알려져 있다. 또한 ELISPOT 분석과 같이 항-IFN-감마 항체를 이용하여 시각화함으로써, 고정화한 펩티드를 수반한 항원 제시 세포가 존재할 때 CTL에 의해 생산 및 방출되는 IFN-감마를 측정하여 검출할 수도 있다.
- [0251] DC와는 별도로 말초혈액 단핵구(PBMC) 또한 APC로 이용될 수 있다. CTL의 유도는 GM-CSF 및 IL-4의 존재 하에서 PBMC를 배양함으로써 증가하는 것으로 보고되었다. 유사하게, 키홀 림펫 헤모시아닌(keyhole limpet hemocyanin; KLH) 및 IL-7의 존재 하에서 PBMC를 배양함으로써 CTL이 유도되는 것으로 보고되었다.
- [0252] 이러한 방법에 의하여 CTL 유도 활성을 갖는 것이 확인된 시험 폴리펩티드는, DC활성 효과 및 그에 따른 CTL 유도 활성 능력을 갖는 폴리펩티드이다. 따라서 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10을 발현하는 세포에 대한 CTL을 유도하는 폴리펩티드는 예를 들면, 암과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10에 관련된 질병에 대한 백신으로서 유용하다. 더욱이, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암에 대한 CTL을 유도하는 능력이 요구되는 APC도 폴리펩티드를 접촉시킴으로써 상기 질병에 대한 백신으로서 유용하다. APC 및 CTL에 의한 항암 면역을 이용한, 예를 들면, 암과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10과 관련한 질병의 치료방법은 세포 면역요법으로 불린다. 이때 상기 암은 방광암, 유방암, 자궁경부암, 담관세포암, CML, 대장암, 자궁내막증, 식도암, 위암, 미만형 위암, 간암, NSCLC, 림프종, 골육종, 자궁암, 췌장암, 전립선암, 신장암, SCLC, 연조직 종양 및 고환종양을 포함하지만 이에 제한되지는 않는다.
- [0253] 일반적으로, 세포 면역요법을 위하여 폴리펩티드를 이용하는 경우 서로 다른 구조를 갖는 폴리펩티드들을 여러 개 조합하여 그것들을 DC와 접촉시킴으로써, CTL 유도 효율을 증가시킬 수 있다. 그러므로 단백질 단편으로 DC를 자극하는 경우, 여러 타입의 단편으로 된 혼합물을 이용하는 것이 유리하다.
- [0254] 폴리펩티드에 의한 항암 면역의 유도는 종양에 대하여 항체 생산 유도를 측정함으로써 더욱 확실히 확인할 수 있다. 예를 들어, 폴리펩티드에 대하여 항체가 상기 폴리펩티드로 면역된 실험동물에서 유도되는 경우 및 암세포의 성장, 증식 및/또는 전이가 상기 항체에 의하여 억제되는 경우에 상기 폴리펩티드는 항암 면역을 유도하는 것으로 결정된다.
- [0255] 항암 면역은 본 발명의 백신을 투여함으로써 유도될 수 있고, 상기 항암 면역의 유도는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 및 예방을 가능하게 한다. CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암에 대한 치료 또는 상기 질병의 발병에 대한 예방은 암세포와 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10을 발현하는 세포의 성장 저해, 상기 세포의 퇴화(involution) 및 상기 세포(예를 들면 암 세포)의 발생 억제를 포함할 수 있다. CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병에 걸린 개체의 사망률 감소, 혈액 중 질환 마커의 감소, 질환에 수반되는 검출 가능한 증상의 경감 등도 또한, 예를 들면, 암과 같은 상기 질병의 치료 또는 예방에 포함된다. 그러한 치료 또는 예방 효과는 예를 들면, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암에 대하여 백신 투여가 없는 대조군과 비교시, 백신의 치료 또는 예방 효과가 통계학적으로 의미가 있는, 예를 들면 5% 또는 이하의 유의 수준에서 관찰되는 것이 바람직하다. 예를 들면, 스튜던트 t-테스트(Student's t-test), 맨-휘트니 U-테스트(the Mann-Whitney U-test), 또는 ANOVA를 통계학적 유의성을 결정하는데 이용될 수 있다.
- [0256] 본 발명이 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암의 치료 또는 예방 방법을 제공한다는 점에서, 본 발명의 치료용 화합물 또는 조성물을 상기 질병의 위험이 있거나(또는 취약한) 상기 질병으로 고통 받는 개체에게 예방 또는 치료 목적으로 투여할 수 있다. 상기 개체는 표준적인 임상 방법을 이용하여 분류할 수 있다. 본 발명에 있어서, 예방적 투여는 질환의 분명한 증상이 나타나기 전에 이루어지며, 이로써 질환이 예방되거나 또는 그 진행이 늦추어진다. 의학 분야에 있어서, 용

어 “예방한다”는 질환에 의한 사망률(mortality) 또는 이환율(morbidity)의 부하(burden)를 감소시키는 임의의 활성을 포함한다. 예방은 제 1차, 제 2차 및 제 3차 예방 수준으로 수행될 수 있다. 제 1차 예방은 질환의 발병을 회피하고, 제 2차 및 제 3차 수준의 예방은 질환의 진행 및 증상의 발생을 막으며, 동시에, 기능을 복구시키거나 합병증을 감소시킴으로써 이미 확립된 질환의 악영향을 감소시키는 것을 목적으로 하는 활동을 포함한다.

[0257] 암 치료에 있어서, 용어 “유효한”은 개체의 암의 크기, 유병률(prevalence) 또는 전이 가능성의 감소를 야기하는 치료를 의미한다. 치료가 예방적으로 적용되는 경우 “유효한”은 치료가 비암(non-cancer)의 발생을 지연 또는 예방하거나 또는 암의 임상 증상을 경감시키는 것을 의미한다. 암의 평가는 표준적인 임상 프로토콜을 이용하여 실시할 수 있다. 한편, 치료의 유효성은 암을 진단 또는 치료하는 공지의 방법과 관련하여 확인될 수 있다. 예를 들면, 암은, 조직 병리학적(histo-pathologically)으로 또는, 대증 이상(symptomatic anomalies)을 확인함으로써 진단할 수 있다.

[0258] 전술한 면역학적 활성을 갖는 펩티드 또는 상기 펩티드를 코딩하고 있는 폴리뉴클레오티드 또는 벡터는 아췌반트와 조합될 수 있다. 아췌반트는 면역학적 활성을 갖는 펩티드와 동시에(또는 연속하여) 투여될 때, 펩티드에 대한 면역 반응을 강화시키는 화합물을 가리킨다. 적절한 아췌반트의 예에는 콜레라 독소, 살모넬라균 독소, 또는 백반(alum) 등이 포함되지만, 이에 제한되는 것은 아니다. 또한 본 발명의 백신은 약학적으로 허용되는 담체와 적절히 조합할 수 있다. 그러한 담체의 예는 멸균수, 생리 식염수, 인산 완충액 및 배양액 등이다. 아울러 상기 백신은 필요에 따라서 안정제, 현탁제, 보존제 및 계면활성제 등을 포함할 수 있다. 백신은 전신 또는 국소로 투여된다. 이때 백신은 1회로 투여될 수도 있고, 수 회 투여를 통하여 추가면역(boost)될 수도 있다.

[0259] 본 발명의 백신으로서 APC 또는 CTL을 이용할 때, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병, 예를 들면 암은 예를 들면, *ex vivo*의 방법으로 치료 또는 예방할 수 있다. 보다 구체적으로는, 치료 또는 예방을 받는 개체의 PBMC를 수집해 본 발명의 펩티드와 *ex vivo*로 접촉시킨다. APC 또는 CTL을 유도한 후, 상기 세포를 개체에 투여할 수 있다. 또한, APC는 펩티드를 코딩하는 벡터를 *ex vivo*로 PBMC에 도입함으로써 유도할 수 있다. *in vitro*에서 유도된 APC 또는 CTL은 투여 전에 클론화 할 수 있다. 표적 세포를 손상시키는데 높은 활성을 갖는 세포를 클론화 및 증식시킴으로써, 세포성 면역 요법을 보다 효과적으로 실시할 수 있다. 또한 상기 방법으로 분리된 APC 및 CTL은 세포가 유래한 개체에 대하여 세포성 면역요법뿐만이 아니라, 다른 개체의 유사한 형태의 질환에 대한 세포성 면역 요법에도 이용될 수 있다.

[0260] 본 발명의 한 양태는 하기의 실시예들에 기재되어 있으며, 상기 실시예는 본 발명을 설명하고 담당자가 본 발명을 이용하고 실시하는 것을 돕기 위한 것이다. 이러한 실시예들은 본 발명의 범위를 제한하려는 의도로 기재된 것은 아니다.

[0261] 이하 적절한 방법 및 재료를 기재하였으나 본 발명의 실시 또는 시험 시, 본 명세서에 기재된 것과 유사하거나 동등한 방법 및 재료를 이용할 수 있다.

실시예

[0282] 본 발명은 이하의 실시예들로 예시되지만, 그것들로 한정되는 것은 아니다. 그렇지만, 본 명세서에 대하여 기재되어 있는 재료, 방법 등은 본 발명의 양상을 설명하는 것일 뿐, 이들로 본 발명의 범위가 제한되는 것이 아니다. 그러므로 여기에 기재된 것들과 유사하거나 동등한 재료, 방법 등을 이용하여 본 발명을 실시 또는 시험할 수 있다.

[0283] **재료 및 방법**

[0284] **세포주**

[0285] 인간 B-림프아형(human-B-lymphoblastoid) 세포주인 A24-LCL 세포(HLA-A24)는 엡스타인-바 바이러스를 형질도입시켜 확립하였다. T2 세포, COS7, A498, Caki-2 및 HEK 293은 ATCC에서 구입하였다. Caki-1 및 MIAPaca-2는 JCRB에서 구입하였다. PK-45P, PK-59, TE-5 및 TE-6은 TKG에서 구입하였다. 293 T는 GenHunter에서 구입하였다.

- [0286] **CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10에서 유래한 펩티드의 후보 선별**
- [0287] HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201 분자에 결합하는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10로부터 유래한 9-머 및 10-머 펩티드는 결합 예상 소프트웨어 "BIMAS"(//bimas.dcr.t.nih.gov/cgi-bin/molbio/ken_parker_comboform)를 사용하여 예상하였다(Parker KC, *et al.*, 1994, *J Immunol.*, 152(1): 163-75; Kuzushima K, *et al.*, 2001, *Blood.*; 98(6): 1872-81). 상기 펩티드는 표준의 고체상 합성 방법으로 Sigma(Sapporo, Japan)에 의뢰해 합성하였고, 역상 HPLC로 정제하였다. 상기 펩티드의 순도(>90%) 및 동일성(identity)은 각각 분석용 HPLC 및 질량분석(mass spectrometry)을 통하여 결정하였다. 펩티드는 20 mg/ml로 디메틸설폭사이드(dimethylsulfoxide; DMSO)에 녹여 -80 °C에 보관하였다.
- [0288] **in vitro CTL 유도**
- [0289] 단핵구 유래의 수상돌기세포(DC)를 항원 제시 세포로 이용하여, HLA에 제시되는 펩티드에 대하여 CTL 반응을 유도시켰다. DC들은 다른 문헌들에 기재된 바대로 *in vitro*에서 제조하였다(Nukaya I *et al.*, 1999, *Int. j. Cancer* 80, 92-7; Tsai V *et al.*, 1997, *j. Immunol.* 158: 1796-802). 즉, 피콜-파크(Ficoll-Paque, Pharmacia) 용액으로 정상 지원자(HLA-A*2402 및/또는 HLA-A*0201,로부터 분리(isolate)한 말초혈액 단핵구(peripheral Blood mononuclear cells, PBMCs)를 플라스틱 조직 배양 플라스크(plastic tissue culture flask, Becton Dickinson)에 대한 점착성을 통해 분리한 후, 단핵구 분획을 위하여 농축시켰다. 단핵구가 농축된 집단을 2% 가열 비활성화된 자가혈청[autologous serum(AS)]을 포함하는 AIM-V(Invitrogen)에서 IL-4(Genzyme) 1000 U/ml 및 GM-CSF(Genzyme) 1000 U/ml 존재 하에 배양하였다. 배양한지 7일 후 사이토카인-생성 DC를 AIM-V에서 3 µg/ml의 베타 2-마이크로글로불린(beta 2-microglobulin) 존재 하에서 20 µg/ml의 합성 펩티드를 이용하여 20°C, 4시간 동안 펄스하였다. 상기 펩티드 펄스된 DC는 MMC(30분 간 30 µg/ml)로 불활성화시켜 Dynabeads M-450 CD8(Dynal) 및 DETACHa BEAD™(Dynal)에 대한 양성 선택으로 얻은 자가(autologous) CD8⁺ T 세포와 1:20의 비율로 혼합하였다. 상기 배양물을 48-웰 플레이트(Corning)에 배치했고, 각 웰은 AIM-V/2% AS 0.5 ml에 포함된 10 ng/ml의 IL-7(Genzyme), 3×10⁵ CD8⁺ T 세포 및 1.5×10⁴의 펩티드-펄스된 DC를 포함하였다. 3일 후 상기 배양액에 최종 농도가 20 IU/ml이 될 때까지 IL-2(CHIRON)를 추가하였다. 7 일째 및 14 일째에 T 세포를 자가 펩티드 펄스한 DC로 한층 더 재 자극하였다. DC는 전술한 것과 같은 방법에 의하여 매회 제조하였다. CTL은 3번 펩티드 자극을 준 21 일째에 펩티드로 펄스된 A24-LCL 세포 또는 T2 세포에 대하여 실험하였다.
- [0290] **CTL 증식 과정**
- [0291] Riddell SR 등이 발표한 문헌(Walter EA *et al.*, 1995, *N Igne J Med* 333: 1038-44; Riddell SR, *et al.*, 1996, *Nature Med.*, 2: 216-23)에 기재된 것과 유사한 방법으로 CTL을 배양하여 증식시켰다. 총 5×10⁴의 CTL을 MMC로 불활성화시킨 2 종의 인간-B 림프아형 세포주와 함께 40 ng/ml의 항-CD3 단일클론 항체(Pharming)가 포함된 25 ml의 AIM-V/5% AS에 재현탁하였다. 배양을 시작하고 1일이 지난 후, 120 IU/ml의 IL-2를 배지에 첨가했다. 5, 8 및 11일째 되는 날, 상기 배지에 30 IU/ml의 IL-2를 포함하는 신선한 AIM-V/5% AS를 첨가했다.
- [0292] **CTL 클론의 확립**
- [0293] 둥근 바닥 96 웰 마이크로 타이터 플레이트(round-bottomed micro titer plate, Nalge Nunc International)에서 0.3개, 1개 및 3개 CTL/웰이 되도록 희석하였다. 5% AS를 포함하는 총 150 µl/웰의 AIM-V에서 7×10⁴ 세포/웰의 2 종의 인간 B-림프아종 세포주, 30 ng/ml의 항CD3 항체 및 125 U/ml의 IL-2를 CTL과 함께 배양하였다. 10일 후, IL-2의 최종 농도가 125 U/ml가 되도록 배지에 50 µl/웰의 IL-2를 첨가하였다. CTL의 CTL 활성화는 14 일째에 시험하였으며, CTL 클론은 상기와 같은 방법을 이용하여 증식시켰다.
- [0294] **특이적 CTL 활성화**
- [0295] 특이적인 CTL 활성을 검토하기 위하여, IFN-감마 ELISPOT 분석 및 IFN-감마 ELISA를 수행하였다. 즉, 자극(stimulator) 세포로서 펩티드 펄스된 A24-LCL 또는 T2 세포(1×10⁴/웰)를 제조하였다. 반응(responder) 세포로서 48웰의 배양 세포 또는 한계 희석한 CTL 클론을 이용하였다. IFN-감마 ELISPOT 분석 및 ELISA 분석은 제조 과정에 따라서 수행하였다.
- [0296] **표적 유전자 및 HLA-A02 또는 HLA-A24를 각각 또는 둘 다 강제적으로 발현하는 세포의 확립**

[0297] 표적 유전자 cDNA 또는 HLA-A02 또는 HLA-A24의 해독틀(open reading frame)을 PCR을 통해 증폭시켰다. 상기 PCR-증폭 산물을 pcDNA3.1 myc-His 벡터(Invitrogen)에 클로닝하였다. 상기 플라스미드는 표적 세포, HLA-A02 및 HLA-A24를 발현하지 않는 정상 인간 세포주인 COS7 또는 293T에 리포펙타민(Lipofectamine)(Invitrogen)을 이용하여 제조업자의 권고 프로토콜에 따라 GenepulserII(Biorad)를 이용한 전기천공법에 의해 상기 플라스미드를 A24-LDL 중에 형질도입하였다. 즉, 25×10^6 의 A24-LCL세포를 10 μg 의 플라스미드와 140 V 및 1000 μF 조건에서 전기 충격을 가하였다. 형질도입 2일 후, 상기 형질도입된 세포에 세포 부유 용액(Cell dissociation solution)을 처리하고, CTL 활성분석에 표적 세포로 사용하였다.

[0298] **세포독성 분석**

[0299] 세포독성 활성은 4시간 동안의 ^{51}Cr 방출을 분석하여 평가하였다. 표적 세포를 20 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 농도의 펩티드로 밤새도록 펄스하였다. 상기 표적 세포는 100 μCi 의 $\text{Na}_2^{51}\text{CrO}_4$ 를 37°C에서 1시간 동안 표지한 다음, RPMI1640으로 3회 세척하였다. 상기 표적세포($1 \times 10^4/100 \mu\text{l}$) 및 다양한 수의 작용세포(effector cell) 100 μl 를 둥근 바닥 96 웰 마이크로 타이터 플레이트(Corning)에 총 200 μl 의 부피로 넣은 뒤 37°C, CO_2 인큐베이터에서 4시간 동안 배양하였다. 배양한 다음, 각 웰에서 100 μl 의 상층액을 회수하여, 감마 카운터(gamma counter)를 이용하여 방사능을 측정하였다. 자발적 방출은 작용 세포가 없는 배지에서 표적 세포로부터 나오는 방사능이고, 최대 방출은 1 M HCl 조건에서 표적세포로부터 나오는 방사능이다.

[0300] 하기식에 따라 계산하여 특이적 세포독성의 백분율을 결정하였다:

[0301]
$$\text{특이적 분해 \%} = \{(\text{실험적인 방출} - \text{자발적 방출}) / (\text{최대 방출} - \text{자발적 방출})\} \times 100$$

[0302] **결과**

[0303] **암에서 증가하는 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10의 발현**

[0304] cDNA-마이크로어레이를 이용하여 다양한 암으로부터 얻은 전체적인 유전자 발현 프로파일 데이터로부터, 이하의 유전자의 발현이 증가된 것으로 나타났다.

[0305] CDH3(GenBank 접근 번호: NM_001793; 서열번호: 1, 2),

[0306] EPHA4(GenBank 접근 번호: L36645; 서열번호: 3, 4),

[0307] ECT2(GenBank 접근 번호: AY376439; 서열번호: 5, 6),

[0308] HIG2(GenBank 접근 번호: NM_013332; 서열번호: 7, 8),

[0309] INHBB(GenBank 접근 번호: NM_002193; 서열번호: 9, 10),

[0310] KIF20A(GenBank 접근 번호: NM_005733; 서열번호: 11, 12),

[0311] KNTC2(GenBank 접근 번호: AF017790; 서열번호: 13, 14),

[0312] TTK(GenBank 접근 번호: NM_003318; 서열번호: 15, 16) 및

[0313] URLC10(GenBank 접근 번호: NM_017527; 서열번호: 17, 18).

[0314] CDH3 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.

[0315] 34개 중 26개의 방광암,

[0316] 19개 중 17개의 자궁경부암,

[0317] 19개 중 19개의 담관세포암,

[0318] 34개 중 30개의 대장암,

[0319] 21개 중 20개의 자궁내막증,

[0320] 20개 중 13개의 위암,

[0321] 8개 중 7개의 미만형 위암,

- [0322] 37개 중 36개의 NSCLC,
- [0323] 116개 중 6개의 췌장암,
- [0324] 21개 중 21개의 연조직 종양 및
- [0325] 10개 중 10개의 고환종양.
- [0326] EPHA4 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0327] 34개 중 14개의 방광암,
- [0328] 14개 중 8개의 자궁경부암,
- [0329] 25개 중 10개의 담관세포암,
- [0330] 15개 중 5개의 자궁내막증,
- [0331] 8개 중 5개의 미만형 위암,
- [0332] 5개 중 5개의 자궁암,
- [0333] 14개 중 14개의 췌장암,
- [0334] 51개 중 20개의 전립선암 및
- [0335] 23개 중 14개의 연조직 종양.
- [0336] ECT2 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0337] 19개 중 17개의 방광암,
- [0338] 12개 중 5개의 유방암,
- [0339] 14개 중 14개의 자궁경부암,
- [0340] 13개 중 13개의 담관세포암,
- [0341] 5개 중 5개의 CML,
- [0342] 8개 중 7개의 대장암,
- [0343] 16개 중 12개의 식도암,
- [0344] 16개 중 6개의 NSCLC,
- [0345] 10개 중 8개의 림프종,
- [0346] 1개 중 1개의 췌장암,
- [0347] 13개 중 10개의 전립선암,
- [0348] 6개 중 3개의 신장암 및
- [0349] 13개 중 12개의 SCLC 암.
- [0350] HIG2 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 20개 중 19개의 신장암 및 9개 중 7개의 연조직 종양에서 유의하게 증가되었다.
- [0351] INHBB 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0352] 21개 중 10개의 담관세포암,
- [0353] 12개 중 12개의 식도암,
- [0354] 13개 중 10개의 NSCLC,
- [0355] 24개 중 22개의 신장암,
- [0356] 14개 중 8개의 SCLC 암 및

- [0357] 49개 중 45개의 연조직 종양.
- [0358] KIF20A 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0359] 31개 중 31개의 방광암,
- [0360] 61개 중 38개의 유방암,
- [0361] 11개 중 10개의 담관세포암,
- [0362] 19개 중 7개의 식도암,
- [0363] 22개 중 21개의 NSCLC,
- [0364] 6개 중 6개의 자궁암,
- [0365] 36개 중 17개의 전립선암,
- [0366] 11개 중 6개의 신장암 및
- [0367] 115개 중 5개의 SCLC.
- [0368] KNTC2 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0369] 32개 중 30개의 방광암,
- [0370] 56개 중 47개의 유방암,
- [0371] 10개 중 10개의 자궁경부암,
- [0372] 22개 중 16개의 담관세포암,
- [0373] 37개 중 17개의 CML,
- [0374] 10개 중 3개의 대장암,
- [0375] 46개 중 11개의 식도암,
- [0376] 19개 중 15개의 NSCLC,
- [0377] 8개 중 7개의 림프종,
- [0378] 24개 중 20개의 골육종,
- [0379] 5개 중 3개의 자궁암,
- [0380] 2개 중 2개의 췌장암,
- [0381] 37개 중 15개의 전립선암,
- [0382] 19개 중 14개의 신장암,
- [0383] 115개 중 5개의 SCLC 및
- [0384] 59개 중 40개의 연조직 종양.
- [0385] TTK 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0386] 27개 중 27개의 방광암,
- [0387] 30개 중 25개의 유방암,
- [0388] 16개 중 15개의 자궁경부암,
- [0389] 10개 중 10개의 담관세포암,
- [0390] 7개 중 5개의 CML,
- [0391] 10개 중 6개의 대장암,
- [0392] 44개 중 24개의 식도암,

- [0393] 15개 중 8개의 간암,
- [0394] 12개 중 12개의 NSCLC,
- [0395] 6개 중 6개의 림프종,
- [0396] 16개 중 13개의 골육종,
- [0397] 17개 중 12개의 전립선암,
- [0398] 115개 중 5개의 SCLC 및
- [0399] 33개 중 16개의 연조직 종양.
- [0400] URLC10 발현은 대응하는 정상 조직과 비교하였을 때 하기 암에서 유의하게 증가되었다.
- [0401] 29개 중 29개의 방광암,
- [0402] 16개 중 15개의 자궁경부암,
- [0403] 7개 중 7개의 담관세포암,
- [0404] 19개 중 7개의 식도암,
- [0405] 3개 중 3개의 위암, 27개 중 24개의 NSCLC,
- [0406] 19개 중 15개의 골육종,
- [0407] 5개 중 4개의 췌장암,
- [0408] 43개 중 33개의 연조직 종양.

표 1

해당 정상 조직과 비교하여 암 조직에서 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK, 또는 URLC10가 상향 발현된 것으로 관찰된 경우의 비율

	CDH3	EPHA4	ECT2	HIG2	INHBB
방광암	26/34	14/34	17/19	-	-
유방암	-	-	5/12	-	-
자궁경부암	17/19	8/14	14/14	-	-
담관세포암	19/19	10/25	13/13	-	10/21
CML	-	-	5/5	-	-
대장암	30/34	-	7/8	-	-
자국내막증	20/21	5/15	-	-	-
위암	-	-	12/16	-	12/12
흑산형	13/20	-	-	-	-
위암	7/8	5/8	-	-	-
간암	-	-	-	-	-
비소세포	36/37	-	6/16	-	10/13
폐암	-	-	8/10	-	-
림프종	-	-	-	-	-
골육종	-	5/5	-	-	-
자궁암 재장암	16/16	14/14	1/1	-	-
전립선암	-	20/51	10/13	-	-
신장암	-	-	3/6	19/20	22/24
소세포폐암	-	-	12/13	-	8/14
연조직 종양	21/21	14/23	-	7/9	45/49
고환종양	10/10	-	-	-	-

KIF20A KNTC2 TTK URLC10

	KIF20A	KNTC2	TTK	URLC10
방광암	31/31	30/32	27/27	29/29
유방암	38/61	47/56	25/30	-
자궁경부암	-	10/10	15/16	15/16
담관세포암	10/11	16/22	10/10	7/7
CML	-	17/37	5/7	-
대장암	-	3/10	6/10	-
자국내막증	-	-	-	-
위암	7/19	11/46	24/44	7/19
흑산형	-	-	-	3/3
위암	-	-	-	-
간암	-	-	8/15	-
비소세포	21/22	15/19	12/12	24/27
폐암	-	7/8	6/6	-
림프종	-	20/24	13/16	15/19
골육종	-	3/5	-	-
자궁암 재장암	6/6	2/2	-	4/5
전립선암	17/36	15/37	12/17	-
신장암	6/11	14/19	-	-
소세포폐암	15/15	15/15	15/15	-
연조직 종양	-	40/59	16/33	33/43
고환종양	-	-	-	-

[0409]

[0410]

CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 또는 URLC10로부터 유래한, HLA-A24 또는 HLA-A2에 결합하는 펩티드의 예측

[0411]

표 2는 CDH3에 대한 HLA-A*2402 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 2A는 CDH3 유래의 9-머 펩티드, 표 2B는 CDH3 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.

[0412]

표 3은 EPHA4에 대한 HLA-A*2402 및 HLA-A*0201 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 3A는 EPHA4 유래의 HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드, 표 3B는 EPHA4 유래의 HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드 및 표 3C는 EPHA4 유래의 HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드를 나타낸다.

[0413]

표 4는 ECT2에 대한 HLA-A*2402 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 4A는 ECT2 유래의 9-머 펩티드, 표 4B는 ECT2 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.

- [0414] 표 5는 HIG2에 대한 HLA-A*2402 및 HLA-A*0201 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 5A는 HIG2 유래의 HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드, 표 5B는 HIG2 유래의 HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드, 표 5C는 HIG2 유래의 HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드 및 표 5D는 HIG2 유래의 HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0415] 표 6은 INHBB에 대한 HLA-A*2402 및 HLA-A*0201 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 6A는 INHBB 유래의 HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드, 표 6B는 INHBB 유래의 HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드, 표 6C는 INHBB 유래의 HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드 및 표 6D는 INHBB 유래의 HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0416] 표 7은 KIF20A에 대한 HLA-A*2402 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 7A는 KIF20A 유래의 9-머 펩티드, 표 7B는 KIF20A 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0417] 표 8은 KNTC2에 대한 HLA-A*2402 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 8A는 KNTC2 유래의 9-머 펩티드, 표 8B는 KNTC2 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0418] 표 9는 TTK에 대한 HLA-A*0201 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 9A는 TTK 유래의 9-머 펩티드, 표 9B는 TTK 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0419] 표 10은 URLC10에 대한 HLA-A*0201 결합 펩티드를 결합 친화도 순서에 따라 나타낸다. 표 10A는 URLC10 유래의 9-머 펩티드, 표 10B는 URLC10 유래의 10-머 펩티드를 나타낸다.
- [0420] **표에서 사용한 용어의 설명 및 정의**
- [0421] 시작 위치는 N-말단으로부터의 아미노산 수를 가리킨다.
- [0422] 결합 스코어는 재료 및 방법에 기재된 "BIMAS"로부터 유래한 것이다.
- [0423] 양성 기증자 수(Positive donor number)는 항원 제시 세포로 *ex vivo* 자극을 주었을 때 특이적 CTL로 유도될 수 있는 CD8⁺ T 세포를 가진 기증자 수를 의미한다. 이는 (양성 기증자 수/전체 기증자 수)로서 보여주었다.
- [0424] 양성 웰 수는 IFN-감마 ELISPOT 분석을 통해 특이적 IFN-감마 생성이 검출될 수 있는 웰의 수를 가리킨다. 한 명의 기증자로부터 4 내지 8 웰이 제조될 수 있다. 이는 (양성 웰 수/IFN-감마 ELISPOT 분석에서 사용한 전체 웰 수)로서 보여주었다.
- [0425] 양성 CTL 세포주는 양성 웰로부터 확립된 CTL 세포주의 수를 나타낸다. 상기 CTL 세포주의 생성은 ELISA에 의해 결정되었다. 이는 (확립된 CTL 세포주 수/IFN-감마 ELISPOT 분석에 따라 실험된 양성 웰 수).
- [0426] 양성 기증자가 없는 것은 검출할 수 있는 양성 웰이 없는 것이 아니라, 확립된 CTL 세포주가 없는 것에 따라 정의된다.
- [0427] 표에서 굵게 표시된 펩티드는 T 세포 자극 활성을 가진다.

표 2a

CDH3에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
513	IYEVMLAM	37.5	1/3			19
667	LFLLLVLL	36	-	-	-	20
30	VFREAQVTL	24	0/3	1/22	0/1	21
406	LYVEVTNEA	16.632	1/3			22
332	KYEAHVPEN	16.5	0/3	1/22	0/1	23
180	KYELFGHAV	15	0/3	1/22	0/1	24
85	RSLKERNPL	14.4	0/3	1/22	0/1	25
5	RGPLASLL	12	0/3	2/22	0/2	26
652	KGGFILPVL	11.2	0/3	0/22	-	27
248	TYNGVVAYS	10.5	0/3	2/22	0/2	28
65	LFSTDNDDF	10	0/3	0/22	-	29
94	KIFPSKRIL	9.6	0/1	0/8	-	306
221	RGSVLEGVL	9.6	0/1	0/8	-	307
668	FLLLVLLL	8.4	-	-	-	308
754	IGNFIENL	8.4	-	-	-	309
311	TAVAVVEIL	8.4	0/1	0/8	-	310
557	NQSPVRQVL	8.064	0/1	0/8	-	311
611	KQDTYDVHL	8	0/1	0/8	-	312
781	DYEGSGSDA	7.5	0/1	0/8	-	313
165	GWLLLNKPL	7.2	0/1	0/8	-	314

[0428]

표 2b

656	ILPVLGAVL	7.2	0/1	0/8	-	315
770	TAPPYDTLL	7.2	0/1	0/8	-	316
602	VVLSLKKFL	7.2	0/1	0/8	-	317
665	ALLFLLVL	7.2	-	-	-	318
410	VTNEAPFVL	7.2	0/1	0/8	-	319
662	AVLALLFLL	7.2	-	-	-	320
613	DTYDVHLSL	6.72	0/1	0/8	-	321
6	GPLASLLLL	6	0/1	0/8	-	322
564	VLNITDKDL	6	0/1	0/8	-	323
159	AVEKETGWL	6	0/1	0/8	-	324
511	NNIYEVML	6	0/1	0/8	-	325
11	LLLQVCWL	6	-	-	-	326
57	GCPGQEPAL	6	0/1	0/8	-	327
293	EYTLTIQAT	6	0/1	0/8	-	328
79	ETVQERRSL	6	0/1	0/8	-	329
475	SYRILRDPAL	6	0/1	0/8	-	330
493	GQVTAVGTL	6	0/1	0/8	-	331
661	GAVLALLFL	6	0/1	0/8	-	332
388	GILTTRKGL	6	0/1	0/8	-	333
382	HPESNQGIL	6	0/1	0/8	-	334
663	VLALLFLLL	5.76	-	-	-	335
598	EGDTVVLSSL	5.6	0/1	0/8	-	336
278	TISVISSGL	5.6	0/1	2/8	0/2	337
659	VLGAVLALL	5.6	0/1	0/8	-	338
811	EWGSRFKKL	5.28	0/1	0/8	-	339
445	KVVEVQEGI	5.04	0/1	0/8	-	340
614	TYDVHLSLS	5	0/1	0/8	-	341
142	FYSITQPGA	5	0/1	0/8	-	342
246	IYTYNGVVA	5	0/1	0/8	-	343

[0429]

표 2c

CDH3에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
807	DYLN e WGSRF	150	1/3			30
248	TYNG v VAYSI	105	0/3	4/22	0/4	31
667	LFL L IVLLLL	42	-	-	-	32
397	DFEAK N QHTL	30	0/3	2/22	0/2	33
332	KYE Ah VPENA	21	1/3			34
180	KYELFG H AVS	15	0/3	2/22	0/2	35
510	RNNI Y EVMVL	12	0/3	4/22	0/4	36
5	RGPLAS L LLL	12	0/3	1/22	0/1	37
477	RILR D PAGWL	12	0/3	1/22	0/1	38
556	CNQSP V RQVL	10.08	0/3	2/22	0/2	39
655	FILP v LGAVL	8.64	1/3			344
662	AVLAIL F LLL	8.64	-	-	-	345

[0430]

표 2d

277	GTISvISSGL	8.4	0/3	0/20	-	346
781	DYEGsGSDAA	7.5	0/3	0/20	-	347
601	TVVLsLKKFL	7.2	0/3	3/20	0/3	348
158	FAVEkETGWL	7.2	0/3	0/20	-	349
665	ALLFILLVLL	7.2	-	-	-	350
259	SQEPkDPHDL	7.2	0/3	0/20	-	351
664	LALLfLLLVL	7.2	-	-	-	352
42	GAEQePGQAL	7.2	0/3	1/20	0/1	353
661	GAVLaLLFLL	7.2	-	-	-	354
595	VNEEgDTVVL	7.2	0/2	0/12	-	355
340	NAVGHvEQRL	7.2	0/2	0/12	-	356
411	TNEApFVLKL	6.6	0/2	0/12	-	357
470	ENQKiSYRIL	6	1/2			358
10	SLLLIQVCWL	6	0/2	1/12	0/1	359
721	GLEArPEVVL	6	0/2	2/12	0/2	360
345	EVQRITVTDL	6	0/2	4/12	0/4	361
2	GLPRgPLASL	6	0/2	3/12	0/3	362
657	LPVLgAVLAL	6	-	-	-	363
563	QVLNiTDKDL	6	0/2	1/12	0/1	364
159	AVEKeTGWLL	6	0/2	2/12	0/2	365
492	SGQVtAVGTL	6	0/2	-	-	366
387	QGILiTRKGL	6	0/2	-	-	367
525	SPPTtGTGTL	6	0/2	2/12	0/2	368
358	NSPAwRATYL	6	0/2	2/12	0/2	369
122	GPFpQRLNQL	5.76	0/2	3/12	0/3	370
753	EIGNfIENL	5.6	0/2	1/12	0/1	371
310	TTAVaVVEIL	5.6	-	-	-	372
246	IYTYnGVVAY	5	0/2	2/12	0/2	373
805	DYDYINEWGS	5	0/2	0/12	-	374

[0431]

표 3a

EPHA4에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 월 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
97	VYIEIKFTL	504	0/2	1/16	0/1	40
453	RYSVALAWL	400	2/3			41
25	VYPANEVTL	300	0/3	0/22	-	42
384	HYTPQQNGL	288	0/3	1/22	0/1	43
5	FYFALFSCL	288	1/2			44
519	GYGDFSEPL	240	0/3	3/22	0/3	45
869	KFGQIVNML	67.2	1/3			46
777	AYTTRGGKI	55	0/3	1/22	0/1	47
420	KYNPNPDQS	18	1/3			48
749	RNILVNSNL	16.8	0/3	1/22	0/1	49
734	KYLSDMSYV	15	0/3	0/22	-	50
879	KLIRNPNSL	14.4	0/3	0/22	-	51
926	RYKDNFTAA	14.4	0/3	0/22	-	52
834	KAIEEGYRL	14.4	0/3	0/22	-	53
574	KYSKAKQEA	13.2	0/3	0/22	-	54
184	AFQDVGACI	12.6	0/3	1/22	0/1	55
252	WLVPIGNCL	12.096	0/3	0/22	-	56
326	RPPSAPLNL	12	0/3	0/22	-	57
203	KCPLTVRNL	12	0/3	0/22	-	58
360	SYNVVCKKC	11.55	0/3	0/22	-	59

[0432]

표 3b

EPHA4에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
25	VYPANEVTLL	300	0/3	0/22	-	60
244	MYCGADGEWL	200	0/3	1/22	0/1	61
657	GYTDKQRRDF	120	0/3	1/22	0/1	62
5	FYFAIFSCLF	100	-	-	-	63
102	KFTLRDCNSL	48	0/3	1/22	0/1	64
818	SYGERPYWDM	30	0/3	2/22	0/2	65
4	IFYFALFSL	28.8	-	-	-	66
808	SYGIVMWEVM	25	-	-	-	67
630	EFGEVCSGRL	24	0/3	0/22	-	68
420	KYNPNPDQSV	21.6	0/3	0/22	-	69
930	NFTAAGYTTL	20	0/2	0/16	-	70
675	QFDHPNIIHL	20	0/3	0/22	-	71
708	AFLRKNDGRF	15	0/3	0/22	-	72
579	KQEADDEKHL	12	0/3	1/22	0/1	73
727	RGIGSGMKYL	12	0/3	0/22	-	74
96	RVYIEIKFTL	11.2	0/2	1/16	0/1	75
507	SYVFHVRART	10.5	0/3	1/22	0/1	76
251	EWLVPIGNCL	10.08	0/3	0/22	-	77
24	RVYPANEVTL	9.6	1/3			78
699	EYMENGLDA	9	0/3	0/22	-	79

[0433]

표 3c

EPHA4에서 유래된, HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
8	ALFSCFLGI	514.942	-	-	-	375
501	GLNPLTSYV	382.536	1/1			376
12	CLFGICDAV	126.098	0/1	1/5	0/1	377
977	QMHGRMVPV	115.534	0/1	1/5	0/1	378
165	KLNTEIRDV	111.979	1/1			379
252	WLVPIGNCL	98.267	0/1	1/5	0/1	380
879	KLIRNPNSL	74.768	0/1	1/5	0/1	381
559	VVILIAAFV	56.902	-	-	-	382
812	VMWEVMSYG	39.386	0/1	0/5	-	383
728	GIGSGMKYL	37.157	0/1	0/5	-	384
750	NILVNSNLV	35.385	0/1	1/5	0/1	385
937	TILEAVVHV	33.705	0/1	1/5	0/1	386

[0434]

표 4a

ECT2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
515	TYPFVNFF	216	1/1			80
140	LYCTSMNLL	200	0/1	0/8	-	81
298	LYVVKQWF	150	0/1	0/8	-	82
435	NYVNILATI	105	0/1	0/8	-	83
773	IYTADPESE	100	0/1	0/8	-	84
110	LYKADCRVI	50	0/1	0/8	-	85
739	SFQMTSDEL	33	0/1	0/8	-	86
504	IFLKYSKDL	30	0/1	0/8	-	87
867	FFERRSHTL	30	0/1	0/8	-	88
178	DFNSKVTHL	30	0/1	0/8	-	89
61	KQEELIKAL	17.28	0/1	0/8	-	90
657	RGEQVTLFL	16.8	0/1	2/8	0/2	91
568	RLPSVALLL	16.8	0/1	0/8	-	92
550	KPECGRQSL	14.4	0/1	0/8	-	93
470	IFGSIPDIF	14	0/1	0/8	-	94
116	RVIGPPVVL	12	0/1	0/8	-	95
507	KYSKDLVKT	11	0/1	0/8	-	96
223	DFYAAVDDF	10	0/1	0/8	-	97

[0435]

표 4b

ECT2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
322	LYEKaNTPEL	330	0/1	0/8	-	98
435	NYVNILATI	90	0/1	0/8	-	99
40	SYVEcEMPQI	90	1/1			100
101	DFQDsVFNDL	72.576	1/1			101
866	SFFE _r RSHTL	24	0/1	0/8	-	102
811	SFSK _t PKRAL	20	0/1	1/8	0/1	103
268	KYLPIGDERC	18	0/1	0/8	-	104
84	EFEGIDSPEF	16.5	0/1	1/8	0/1	105
236	KVPPfQDCIL	14.4	0/1	0/8	-	106
728	RPPTeQANVL	14.4	0/1	0/8	-	107
507	KYSKdLVKTY	12	0/1	0/8	-	108
281	VVEEnIVKDL	10.08	0/1	0/8	-	109

[0436]

표 5a

HIG2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
19	IFVRVMESL	42	1/3			110
22	RVMESLEGL	14.4	1/3			111
8	YLLGVVLTLL	8.4	1/3			387
7	LYLLGVVLT	7.5	0/2	3/15	0/3	388
23	VMESLEGLL	7.2	0/2	0/16	-	389
9	LLGVVLTLL	5.6	-	-	-	390

[0437]

표 5b

HIG2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
7	LYLLGVVLTLL	420	1/3			112
22	RVMESLEGLL	17.28	0/3	4/24	0/4	113
8	YLLGVVLTLL	8.4	-	-	-	391
5	LNLYLLGVVL	7.2	0/2	0/12	-	392
46	LANTEPTKGL	6	0/2	0/14	-	393
18	SIFVRVMESL	5.6	1/2			394

[0438]

표 5c

HIG2에서 유래된, HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
8	YLLGVVLTLL	836.253	1/1			114
13	VLTLISIFV	650.311	0/1	0/12	-	115
15	TLLSIFVRV	488.951	1/1			116
4	VLNLYLLGV	271.948	1/1			117
9	LLGVVLTLL	83.527	0/1	0/12	-	118
22	RVMESLEGL	31.957	0/1	0/12	-	119
6	NLYLLGVVL	28.027	0/1	0/12	-	120

[0439]

표 5d

HIG2에서 유래된, HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
8	YLLGvVLTL	836.253	1/1			121
12	VVLILSIFV	210.538	-	-	-	122
29	GLLEsPSPGT	113.047	0/1	0/12	-	123
6	NLYLIGVVL	54.847	-	-	-	124
4	VLNlyLLGVV	14.495	0/1	0/12	-	125
15	TLLSiFVRVM	13.174	0/1	0/12	-	126
18	SIFVrVMESL	12.248	0/1	0/12	-	127
14	LTLLsIFVRV	11.545	-	-	-	128

[0440]

표 6a

INHBB에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
383	LYFDDEYNI	60	0/3	0/20	-	129
238	LFERGERRL	30	0/3	1/19	0/1	130
7	RALGAACL	12	0/3	0/21	-	131
388	EYNIVKRDV	10.5	0/3	0/18	-	132
180	LYLKLLPYV	9	1/2			395
163	ISNEGNQNL	8.64	0/1	0/8	-	396
223	RSGWHTFPL	8	0/1	0/6	-	397
176	ASLWLYLKL	7.92	0/1	0/7	-	398
338	AYLAGVPGS	7.5	0/1	1/7	0/1	399
213	NMVEKRVDL	7.2	0/1	0/8	-	400
102	AMVTALRKL	6.6	0/1	0/8	-	401
250	VQCDSQEL	6.336	0/1	0/8	-	402
369	NSCCIPTKL	6.16	0/1	0/8	-	403
330	NYCEGSCPA	6	0/1	0/7	-	404
172	FVVQASLWL	6	0/1	0/8	-	405
355	VNQYRMRL	6	0/1	0/8	-	406
307	QFFIDFRLI	6	0/1	0/7	-	407
14	LLLLAAGWL	6	-	-	-	408
306	QFFIDFRL	5.6	0/1	0/6	-	409
170	NLFVVQASL	5.6	0/1	0/7	-	410
327	YYGNycegs	5	0/1	1/8	0/1	411

[0441]

표 6b

INHBB에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
180	LYLKLLPYVL	360	1/3			133
171	LFVVQASLWL	30	-	-	-	134
305	RQFFIDFRL	16.8	1/3			135
73	DFLEAVKRHI	12.6	0/3	4/20	0/4	136
7	RALGAACLLL	12	1/3			137
273	RPFVVVQARL	11.2	0/3	1/20	0/1	138
338	AYLAGVPGSA	10	0/3	2/20	0/2	139
169	QNLFvVQASL	8.4	0/1	1/6	0/1	412
249	DVQCdSCQEL	7.92	0/1	4/6	0/4	413
173	VVQAsLWLYL	7.2	0/1	0/6	-	414
383	LYFDdEYNIV	7.2	0/1	0/6	-	415
229	FPLTeAIQAL	7.2	0/1	1/6	0/1	416
299	RTNLcCRQQF	7.2	0/1	5/6	0/5	417
101	AAMVtALRKL	6.6	0/1	2/6	0/2	418
368	VNSCcIPTKL	6.16	0/1	2/6	0/2	419
13	CLLLIAAGWL	6	-	-	-	420
354	VVNQyRMRGL	6	0/1	0/6	-	421
150	DGLAsSRVRL	6	0/1	2/6	0/2	422
293	GLECdgRTNL	6	0/1	0/6		423
330	NYCEgSCPAY	6	0/1	1/6	0/1	424
176	ASLWIYLKLL	6	0/1	1/6	0/1	425
212	WNMVeKRVDL	6	1/1			426
74	FLEAvKRHIL	6	0/1	2/6	0/2	427
331	YCEGsCPAYL	6	0/1	1/6	0/1	428
77	AVKRhILSRL	5.6	0/1	1/6	0/1	429
175	QASLwLYLKL	5.28	0/1	2/6	0/2	430
326	GYYGnYCEGS	5	0/1	1/6	0/1	431
159	LYFFiSNEGN	5	0/1	4/6	0/4	432
327	YYGNyCEGSC	5	0/1	1/6	0/1	433

[0442]

표 6c

INHBB에서 유래된, HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
177	SLWLYLKLL	407.808	0/1	0/8		140
14	LLLLAAGWL	96.074	-	-	-	141
170	NLFVVQASL	79.041	0/1	0/8		142
213	NMVEKRVDL	63.256	0/1	0/8		143
172	FVVQASLWL	47.291	0/1	0/8		144
306	QQFFIDFRL	46.48	0/1	0/8		145
281	RLGDSRHRI	42.774	0/1	0/8		146
174	VQASLWLYL	34.427	0/1	0/8		147
257	ELAVVPVFFV	28.69	0/1	1/8	0/1	148
313	RLIGWNDWI	28.116	0/1	1/8	0/1	149
139	RVSEIISFA	22.546	0/1	3/8	0/3	150
151	GLASSRVRL	21.362	0/1	0/8		151
8	ALGAACLLL	21.362	0/1	1/8	0/1	152
250	VQCDSCQEL	15.096	0/1	1/8	0/1	153

[0443]

표 6d

INHBB에서 유래된, HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
179	WLYLKLLPYV	12951.1	0/1	1/8	0/1	154
301	NLCCRQQFFI	332.806	0/1	0/8		155
237	ALFERGERRL	64.814	0/1	0/8		156
382	MLYFDDEYNI	56.754	0/1	0/8		157
13	LLLLAAGWL	56.514	-	-	-	158
8	ALGAACLLLL	49.134	-	-	-	159
313	RLIGWNDWII	32.081	0/1	0/8		160
173	VVQASLWLYL	29.711	0/1	2/8	0/2	161
256	QELAVVPVFFV	27.521	0/1	0/8		162
162	FISNEGNQNL	13.512	0/1	1/8	0/1	163
305	RQQFFIDFRL	12.562	0/1	0/8		164
362	GLNPGTVNSC	11.426	0/1	0/7		165
85	RLQMRGRPNI	10.433	0/1	1/8	0/1	166
69	RVDGDFLEAV	10.425	0/1	0/8		167

[0444]

표 7a

KIF20A에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
308	IYNELLYDL	432	0/2	0/14	-	168
621	MYEEKLNIL	432	0/2	0/14	-	169
67	VYLRVRPLL	420	0/2	0/14	-	170
499	KFSAIASQL	56	0/2	0/14	-	171
304	SFFEIYNEL	44.352	0/2	0/14	-	172
187	IFNSLQGQL	36	0/2	0/14	-	173
305	FFEIYNELL	30	1/2			174
23	MFESTAADL	30	0/2	0/14	-	175
256	SFDSGIAGL	20	0/2	0/14	-	176
298	RFSIWISFF	20	-	-	-	177
383	IFSIRILHL	20	1/2			178
647	KIEELEALL	17.28	0/2	0/14	-	179
625	KLNILKESL	14.4	0/2	0/14	-	180
695	KLQQCKAEL	13.2	0/2	0/14	-	181
726	FTIDVDKKL	11.088	0/2	0/14	-	182
688	QLQEVKAKL	11.088	0/2	0/14	-	183

[0445]

표 7b

KIF20A에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
308	IYNEILYDLL	432	0/2	0/14	-	184
182	RSLAIFNSL	24.192	0/2	1/14	0/1	185
304	SFFEIYNELL	24	1/2			186
742	RLLRtELQKL	15.84	0/2	0/14	-	187
739	KNIRILRTEL	15.84	0/2	0/14	-	188
218	RQEE _m KKLSL	14.4	0/2	2/14	0/2	189
70	RVRPILPSEL	12.672	0/2	0/14	-	190
871	RILR _s RRSPL	12	0/2	0/14	-	191
89	RIEN _v ETLVL	12	0/2	1/14	0/1	192
364	KNQSF _s ASTHL	12	0/2	0/14	-	193
66	KVYL _r VRPLL	11.2	1/2			194
60	DSMEk _v KVLYL	10.08	0/2	0/14	-	195

[0446]

표 8a

KNTC2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
309	KYQAYMSNL	600	1/3			196
457	VYVPLKELL	432	0/3	0/18	-	197
414	EYHKLARKL	264	0/3	0/18	-	198
139	SYELPDTKF	165	0/3	0/18	-	199
629	KYEKKATLI	150	0/3	0/18	-	200
400	KYARGKEAI	100	0/3	1/18	0/1	201
124	DFLKIFTFL	50.4	1/3			202
134	GFLCPSYEL	33	0/3	0/18	-	203
257	LFNVDAFKL	33	0/3	0/18	-	204
242	SFDEMNAEL	26.4	0/3	0/18	-	205
128	IFTFLYGFL	24	0/3	0/18	-	206
146	KFEEVPRI	18	0/3	1/18	0/1	207
368	RINHERNEL	15.84	0/3	1/18	0/1	208
235	SFMSGADSF	15	0/3	0/18	-	209
154	IFKDLGYPF	14.4	1/3			210
563	EYQLVVQTT	12.6	0/3	0/18	-	211
474	KALNKKMGL	12	0/3	1/18	0/1	212
150	EVPRIFKDL	10.08	1/3			213

[0447]

표 8b

KNTC2에서 유래된, HLA-A*2402 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
452	KYRAQVYVPL	560	2/3			214
610	EYEECMSDEL	360	0/3	1/18	0/1	215
360	KYSVADIERI	100	0/3	0/18	-	216
227	DYTIKCYESF	100	1/3			217
146	KFEEVPRI	50.4	0/3	0/18	-	218
90	AFIQQCIRQL	30	0/3	0/18	-	219
20	RSQDVNKQGL	17.28	0/3	1/18	0/1	220
501	RTLKEEVQKL	15.84	0/3	0/18	-	221
403	RGKEAIETQL	13.44	0/3	1/18	0/1	222
273	RALNEQIARL	12	1/3			223
563	EYQLVVQTTT	10.5	0/3	3/22	0/3	224
467	ETEEEINKAL	10.08	0/3	1/22	0/1	225
541	LLESTVNQGL	10.08	0/3	1/22	0/1	226

[0448]

표 9a

TTK에서 유래된, HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 월 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
462	YMSCFRTPV	878.055	1/1			227
547	KQIYAIKYV	312.218	1/1			228
630	NMLEAVHTI	262.897	0/1	1/8	0/1	229
278	LLNSPDCDV	118.238	0/1	1/8	0/1	230
498	ILATPLQNL	83.527	0/1	0/8	-	231
811	YVLGQLVGL	73.172	0/1	0/8	-	232
719	SLGCILYYM	62.845	1/2			233
670	QMOPDITSV	50.232	0/1	0/8	-	234
804	GTTEEMKYV	50.102	0/1	0/8	-	235
654	LIVDGMLKL	47.088	0/1	1/8	0/1	236
363	SLLAKLEET	31.074	0/1	0/8	-	237
790	YVQIQTHPV	27.995	0/1	0/8	-	238
785	LLAHPYVQI	26.604	0/1	0/8	-	239
86	KLIGRYSQA	26.082	0/1	0/8	-	240
186	NLNLQKKQL	21.362	0/1	0/8	-	241
671	MOPDITSVV	20.152	0/1	0/8	-	242
577	KLQQHSDKI	17.892	0/1	0/8	-	243
142	FAFVHISFA	14.856	0/1	0/8	-	244
322	CELRNLKSV	11.509	0/1	0/8	-	245
824	SILKAAKTL	10.868	0/1	0/8	-	246

[0449]

표 9b

TTK에서 유래된, HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 월 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
68	LLLKLEKNSV	437.482	0/1	0/8	-	247
277	NLLNSPDCDV	257.342	0/1	0/8	-	248
653	FLIVDGMLKL	226.014	0/1	0/8	-	249
423	TTFEQPVFSV	195.487	0/1	0/8	-	250
542	VLNEKKQIYA	190.448	0/1	0/8	-	251
658	GMLKLIDFGI	161.697	0/1	0/8	-	252
194	LLSEEEKKNL	148.896	0/1	0/8	-	253
462	YMSCFRTPVV	94.738	1/1			254
57	MMANNPEDWL	70.685	0/1	0/8	-	255
600	MVMECGNIDL	48.205	0/1	0/8	-	256
689	YMPPEAIKDM	37.961	0/1	0/8	-	257
86	KLIGRYSQAI	36.515	0/1	0/8	-	258
669	NQMCPDTSV	26.092	0/1	1/8	0/1	259
497	QILATPLQNL	24.997	0/1	0/8	-	260
654	LIVDGMLKLI	22.997	0/1	0/8	-	261
186	NLNLQKKQLL	21.362	0/1	1/8	0/1	262
670	QMCPDTSVV	20.595	0/1	0/8	-	263
803	KGTTEEMKYV	20.102	0/1	0/8	-	264
11	LTIDSIMNKV	15.486	0/1	0/8	-	265
577	KLQQHSDKII	14.971	0/1	0/8	-	266

[0450]

표 10a

URLC10에서 유래된, HLA-A*0201 결합 9-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
131	KIFPRFFMV	1364.78	0/1	0/8	-	267
204	GLWLAILLL	407.808	0/1	0/8	-	268
65	LLVVALPRV	271.948	0/1	0/8	-	269
60	ALLALLLVV	242.674	-	-	-	270
206	WLAILLLLA	52.561	1/1			271
212	LLASIAAGL	36.316	1/1			272
210	LLLLASIAA	31.249	0/1	0/8	-	273
137	FMVAKQCSA	16.505	0/1	2/8	0/2	274
58	TMALLALLL	15.428	0/1	2/8	0/2	275
59	MALLALLLV	13.975	0/1	2/8	0/2	276
209	ILLLLASIA	12.812	0/1	0/8	-	434
208	AILLLLASI	12.208	-	-	-	277
69	ALPRVWTD	8.446	0/1	0/8	-	278
197	SMGESCGGL	8.223	0/1	0/8	-	279
61	LLALLLVVA	7.964	-	-	-	280
67	VVALPRVWT	6.097	0/1	0/8	-	281
72	RVWTDANLT	5.412	0/1	0/8	-	282
160	FLLEPMPF	5.2	0/1	1/8	0/1	283
62	LALLLVVAL	4.292	0/1	0/8	-	284
57	GTMALLALL	2.525	0/1	1/8	0/1	285

[0451]

표 10b

URLC10에서 유래된, HLA-A*0201 결합 10-머 펩티드

시작 위치	아미노산 서열	결합 스코어	양성 기증자 수	양성 웰 수	양성 CTL 세포주	서열 번호
64	LLVVVALPRV	1006.21	0/1	0/8	-	286
204	GLWLAILLLL	407.808	0/1	1/8	0/1	287
211	LLASIAAGL	134.369	1/1			288
258	TMALLALLLV	115.534	-	-	-	289
61	LLALLLVVAL	83.527	-	-	-	290
160	FLLEPPMPFF	65.782	0/1	0/8	-	291
209	ILLLLASIAA	31.249	0/1	0/8	-	292
131	KIFPRFFMVA	26.186	0/1	0/8	-	293
60	ALLALLLVVA	17.334	-	-	-	294
66	LVVALPRVWT	6.097	0/1	0/8	-	295
59	MALLALLLVV	5.73	-	-	-	296
2	RLQRPRQAPA	4.968	0/1	1/8	0/1	297
112	CQNPRRCKWT	4.156	0/1	0/8	-	298
72	RVWTDANLTA	3.608	0/1	0/8	-	299
53	WAPLGTMALL	3.139	0/1	0/8	-	300
121	TEPYCVIAAV	3.111	0/1	0/8	-	301
162	LEPPMPFFYL	2.739	0/1	1/8	0/1	302
181	LEPPINSSV	2.299	0/1	2/8	0/2	303
170	YLKCKKIRYC	2.024	0/1	0/8	-	304
130	VKIFPRFFMV	1.81	0/1	0/8	-	305

[0452]

[0453]

HLA-A*2402에 한정된 CDH3 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 CDH3-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립

[0454]

CDH3로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 1에 나타내었다. 특히, CDH3-A24-9-513(서열번호 19), CDH3-A24-9-406(서열번호 22), CDH3-A24-10-807(서열번호 30), CDH3-A24-10-332(서열번호 34), CDH3-A24-10-655(서열번호 344) 및 CDH3-A24-10-470(서열번호 358)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 서열번호 19로 자극된 5번 양성 웰, 서열번호 22로 자극된 2번 양성 웰, 서열번호 30로 자극된 5번 양성 웰, 서열번호 34로 자극된 4번 양성 웰, 서열번호 344로 자극된 1번 양성 웰 및 서열번호 358로 자극된 4번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 1에 나타내었다. 표 2에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(CDH3-A24-10-248)를 도 1a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

[0455]

CDH3-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립

[0456]

또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. CDH3-A24-10-807(서열번호 30) 5번 및 CDH3-A24-10-655(서열번호 344) 1번 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 1f 및 도 1g에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.

[0457]

CDH3 및 HLA-A*2402 을 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성

- [0458] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주가 CDH3 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포를 인지하는 능력에 대하여 시험하였다. CDH3 및 HLA-A*2402를 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 CDH3 유전자 및 HLA-A*2402 분자 모두로 형질도입된 COS7에 대한 특이적 CTL 활성을 CDH3-A24-10-807(서열번호 30) 및 CDH3-A24-10-655(서열번호 344)에 의해 자극된 CTL 세포주를 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*2402를 제외한 전장 CDH3만 형질도입시킨 COS7 및 전장 CDH3을 제외한 HLA-A*2402만 형질도입시킨 COS7을 대조군으로서 준비하였다. 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내는 COS7은 CDH3 및 HLA-A2402 모두로 형질도입된 것이었다(도 1f 및 1g). 상기 결과는 CDH3-A24-10-807(서열번호 30) 및 CDH3-A24-10-655(서열번호 344)가 표적 세포 표면에 HLA-A2402 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 CDH3을 발현하는 종양을 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.
- [0459] **HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201에 한정된 EPHA4 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 EPHA4-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**
- [0460] EPHA4로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 IFN-감마 ELISPOT 분석에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 2에 나타내었다. 특히, EPHA4-A24-9-453(서열번호 41), EPHA4-A24-9-5(서열번호 44), EPHA4-A24-9-869(서열번호 46), EPHA4-A24-9-420(서열번호 48), EPHA4-A24-10-24(서열번호 78) EPHA4-A02-9-501(서열번호 376) 및 EPHA4-A02-9-165(서열번호 379)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, EPHA4-A24-9-453(서열번호 41)로 자극된 3번 양성 웰, EPHA4-A24-9-5(서열번호 44)로 자극된 2번 양성 웰, EPHA4-A24-9-869(서열번호 46)로 자극된 5번 양성 웰, EPHA4-A24-9-420(서열번호 48)로 자극된 6번 양성 웰, EPHA4-A24-10-24(서열번호 78)로 자극된 4번 양성 웰, EPHA4-A02-9-501(서열번호 376)로 자극된 8번 양성 웰 및 EPHA4-A02-9-165(서열번호 379)로 자극된 3번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 특히, EPHA4-A02-9-501(서열번호 376) 및 EPHA4-A02-9-165(서열번호 379)로 자극된 CTL 세포주를 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따른 ⁵¹Cr-방출 분석을 통해 시험하였다. 결과는 도 2a 내지 도 2h에 나타내었다. 표 3에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(EPHA4-A24-9-384)를 도 2a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.
- [0461] **HLA-A*2402에 한정된 ECT2 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 ECT2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**
- [0462] ECT2로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 3에 나타내었다. 특히, ECT2-A24-9-515(서열번호 80) ECT2-A24-10-40(서열번호 100) 및 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)은 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, ECT2-A24-9-515(서열번호 80)로 자극된 7번 양성 웰, ECT2-A24-10-40(서열번호 100)로 자극된 2번 양성 웰 및 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)로 자극된 1번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 3a 내지 도 3d에 나타내었다. 표 4에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(ECT2-A24-10-322, ECT2-A24-9-657 및 ECT2-A24-10-811)를 도 3a에 나타내었다. 본 발명에서 CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.
- [0463] **ECT2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**
- [0464] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. ECT2-A24-10-40(서열번호 100) 2번 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 3c에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.
- [0465] **ECT2 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**
- [0466] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 ECT2 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포를 인지하

는 그들의 능력에 대하여 시험하였다. ECT2 및 HLA-A*2402를 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 ECT2 유전자 및 HLA-A*2402 분자 모두로 형질도입된 COS7에 대한 특이적 CTL 활성을 ECT2-A24-10-40(서열번호 100)에 의해 자극된 CTL 클론 및 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)에 의해 자극된 CTL 세포주를 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*2402를 제외한 전장 ECT2만 형질도입한 COS7 및 전장 ECT2를 제외한(예를 들면 URLC10 또는 INHBB와 같은 다른 유전자로 대체된) HLA-A*2402만 형질도입시킨 COS7을 대조군으로서 준비하였다. 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내는 COS7은 ECT2 및 HLA-A2402 모두로 형질도입된 것이었다(도 3c 및 3d). 상기 결과는 ECT2-A24-10-40(서열번호 100) 및 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)이 표적 세포 표면에 HLA-A2402 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 ECT2를 발현하는 암 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.

[0467] **HLA-A*2402 및 ECT2를 내재적으로 발현하는 암 세포주에 대한 세포독성 활성**

[0468] 더욱이, 세포독성 활성은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 세포독성 분석의 프로토콜에 따라 수행되었다. 그 결과, 도 3b에 나타난 바와 같이, ECT2-A24-9-515(서열번호 80)에 의해 자극된 CTL 클론은 HLA-A24-음성 및 ECT-양성 암세포주인 TE5와 비교하여, HLA-A24-양성 및 ECT-양성 암세포주인 TE6에 대하여 현저하게 높은 세포독성 효과를 보여주었다.

[0469] **HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201에 한정된 HIG2 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 HIG2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**

[0470] HIG2로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 4에 나타내었다. 특히, HIG2-A24-9-19(서열번호 110), HIG2-A24-9-22(서열번호 111), HIG2-A24-9-8(서열번호 387) HIG2-A24-10-7(서열번호 112), HIG2-A24-10-18(서열번호 394) HIG2-A02-9-8(서열번호 114), HIG2-A02-9-15(서열번호 116), HIG2-A02-9-4(서열번호 117) 및 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, HIG2-A24-9-19(서열번호 110)로 자극된 6번 양성 웰, HIG2-A24-9-22(서열번호 111)로 자극된 7번 양성 웰, HIG2-A24-9-8(서열번호 387)로 자극된 5번 양성 웰, HIG2-A24-10-7(서열번호 112)로 자극된 1번 양성 웰, HIG2-A24-10-18(서열번호 394)로 자극된 7번 양성 웰, HIG2-A02-9-8(서열번호 114)로 자극된 10번 양성 웰, HIG2-A02-9-15(서열번호 116)로 자극된 10번 양성 웰, HIG2-A02-9-4(서열번호 117)로 자극된 10번 양성 웰 및 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)로 자극된 9번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 4a 내지 도 4j에 나타내었다. 표 5에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(HIG2-A24-9-7)를 도 4a에 나타내었다. 본 발명에서 CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

[0471] **HIG2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**

[0472] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. HIG2-A24-9-22(서열번호 111) #7 CTL 세포주, HIG2-A24-9-8(서열번호 387) #5 CTL 세포주, HIG2-A24-10-7(서열번호 112) #1 CTL 세포주, HIG2-A24-10-18(서열번호 394) #7 CTL 세포주 및 HIG2-A02-9-4(서열번호 117) #10 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 4c, e, f, g 및 i에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.

[0473] **HIG2 및 HLA-A*0201을 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**

[0474] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주가 HIG2 및 HLA-A*0201을 발현하는 표적 세포를 인지하는 능력에 대하여 시험하였다. HIG2 및 HLA-A*0201을 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 HIG2 유전자 및 HLA-A*0201 분자 모두로 형질도입된 293T 또는 COS7에 대한 특이적 CTL 활성을 HIG2-A02-9-8(서열번호 114), HIG2-A02-9-15(서열번호 116)에 의해 자극된 CTL 세포주 및 HIG2-A02-9-4(서열번호 117)에 의해 자극된 CTL 클론을 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*0201을 제외한 전장 HIG2만 형질도입한 293T 또는 COS7 및 전장 HIG2를 제외한(또는, 예를 들면 FoxP3 또는 TTK와 같은 다른 유전자로 대체된) HLA-A*0201만 형질도입시킨 293T 또는 COS7을 대조군으로서 제조하였다. 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내는 293T 또는 COS7은 HIG2 및 HLA-A*0201 모두로 형질도입된 것이었다(도 4e, h 및 i).

- [0475] 상기 결과는 HIG2-A02-9-8(서열번호 114), HIG2-A02-9-15(서열번호 116) 및 HIG2-A02-9-4(서열번호 117)가 표적 세포 표면에 HLA-A2402 또는 HLA-A0201 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 HIG2를 발현하는 종양을 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.
- [0476] **HLA-A*0201 및 HIG2를 내재적으로 발현하는 암 세포주에 대한 세포독성 활성화**
- [0477] 또한, 세포독성 활성화는 상기 “재료 및 방법”에 기재된 세포독성 분석의 프로토콜에 따라 수행되었다. 그 결과, 도 4i에 나타난 바와 같이, HIG2-A02-9-4(서열번호 117)에 의해 자극된 CTL 클론은 HLA-A02-음성 및 HIG2-양성 암세포주인 A498과 비교하여, HLA-A02-양성 및 HIG2-양성 암세포주인 CAki-1에 대하여 현저하게 높은 세포독성 효과를 보여주었다.
- [0478] **HLA-A*2402 또는 HLA-A*0201에 한정된 INHBB 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 INHBB-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**
- [0479] INHBB로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 5에 나타내었다. 특히, INHBB-A24-9-180(서열번호 395) INHBB-A24-10-180(서열번호 133), INHBB-A24-10-305(서열번호 135), INHBB-A24-10-7(서열번호 137) 및 INHBB-A24-10-212(서열번호 426)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, INHBB-A24-9-180(서열번호 395)로 자극된 7번 양성 웰, INHBB-A24-10-180(서열번호 133)로 자극된 3번 양성 웰, INHBB-A24-10-305(서열번호 135)로 자극된 2번 양성 웰 및 INHBB-A24-10-7(서열번호 137)로 자극된 8번 및 INHBB-A24-10-212(서열번호 426)로 자극된 1번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성화와 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 5b 내지 도 5e에 나타내었다. 표 6에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402 및 HLA*0201에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(INHBB-A24-9-238)를 도 5a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.
- [0480] **INHBB-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**
- [0481] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. INHBB-A24-9-180(서열번호 395) 7번 CTL 세포주, 및 INHBB-A24-10-305(서열번호 135) 2번 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 5b 및 d에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성화와 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.
- [0482] **INHBB 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성화**
- [0483] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 INHBB 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포를 인지하는 그들의 능력에 대하여 검사하였다. INHBB 및 HLA-A*2402를 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 INHBB 유전자 및 HLA-A*2402 분자 모두로 형질도입된 293T에 대한 특이적 CTL 활성을 INHBB-A24-10-180(서열번호 133) 및 INHBB-A24-10-7(서열번호 137)에 의해 자극된 CTL 세포주 및 INHBB-A24-10-305(서열번호 135)에 의해 자극된 CTL 클론을 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*2402를 제외한 전장 INHBB만 형질도입한 293T 및 전장 INHBB를 제외한 HLA-A*2402만 형질도입시킨 293T를 대조군으로서 준비하였다. 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내는 293T는 INHBB 및 HLA-A2402 모두로 형질도입된 것이었다(도 5c, d 및 e).
- [0484] 상기 결과는 INHBB-A24-10-305(서열번호 135), INHBB-A24-10-180(서열번호 133) 및 INHBB-A24-10-7(서열번호 137)이 표적 세포 표면에 HLA-A*2402 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 INHBB를 발현하는 암을 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.
- [0485] **HLA-A*2402 및 INHBB를 내재적으로 발현하는 암 세포주에 대한 세포독성 활성화**
- [0486] 더욱이, 세포독성 활성화는 상기 “재료 및 방법”에 기재된 세포독성 분석의 프로토콜에 따라 수행되었다. 그 결과, 도 5b에 나타난 바와 같이, INHBB-A24-9-180(서열번호 395)에 의해 자극된 CTL 클론은 HLA-A24-음성 및 INHBB-양성 암세포주인 CAki-2와 비교하여, HLA-A24-양성 및 INHBB-양성 암세포주인 MIAPaca2에 대하여 현저하

게 높은 세포독성 효과를 보여주었다.

[0487] **HLA-A*2402에 한정된 KIF20A 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 KIF20A-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**

[0488] KIF20A로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 6에 나타내었다. 특히, KIF20A-A24-9-305(서열번호 174), KIF20A-A24-9-383(서열번호 178), KIF20A-A24-10-304(서열번호 186) 및 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, KIF20A-A24-9-305(서열번호 174)로 자극된 2번 양성 웰, KIF20A-A24-9-383(서열번호 178)로 자극된 3번 양성 웰, KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)로 자극된 5번 양성 웰 및 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)로 자극된 6번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 6a 내지 도 6e에 나타내었다. 표 7에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(KIF20A -A24-9-647 및 KIF20A -A24-10-182)를 도 6a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

[0489] **KIF20A-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**

[0490] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. KIF20A-A24-9-305(서열번호 174) 2번 CTL 세포주, KIF20A-A24-10-304(서열번호 186) 5번 CTL 세포주 및 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194) #6 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 6b, d 및 e에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.

[0491] **KIF20A 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**

[0492] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 KIF20A 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포를 인지하는 그들의 능력에 대하여 검사하였다. KIF20A 및 HLA-A*2402를 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 KIF20A 유전자 및 HLA-A*2402 분자 모두로 형질도입된 COS7 및 전장 KIF20A 유전자를 전기천공법으로 형질도입한 A24-LCL에 대한 특이적 CTL 활성을 KIF20A-A24-9-383(서열번호 178) 및 KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)에 의해 자극된 CTL 세포주 및 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)에 의해 자극된 CTL 클론을 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*2402를 제외한 전장 KIF20A만 형질도입시킨 COS7, 전장 KIF20A를 제외한(또는 전장 URC10 유전자로 대체된) HLA-A*2402만 형질도입시킨 COS7 및 HLA-A*2402로 형질도입되고 KIF20A-10-308로 펄스된 COS7 및 공백터로 형질전환한 A24-LDL을 대조군으로서 준비하였다. KIF20A 및 HLA-A*2402 모두로 형질도입된 COS7은 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내었다(도 6b, c 및 d). 또는, KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)로 자극된 CTL 세포주는 KIF20A로 형질도입된 A24-LCL에 대하여 확인되었다.

[0493] 상기 결과는 KIF20A-A24-9-383(서열번호 178), KIF20A-A24-10-304(서열번호 186) 및 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)가 표적 세포 표면에 HLA-A*2402 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 KIF20A를 발현하는 암 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.

[0494] **HLA-A*2402 및 KIF20A를 내재적으로 발현하는 암 세포주에 대한 세포독성 활성**

[0495] 더욱이, 세포독성 활성은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 세포독성 분석의 프로토콜에 따라 수행되었다. 그 결과, 도 6b 및 e에 나타난 바와 같이, KIF20A-A24-9-305(서열번호 174) 또는 KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)에 의해 자극된 CTL 클론은 HLA-A24-음성 및 KIF20A-양성 암세포주인 PK59와 비교하여, HLA-A24-양성 및 KIF20A-양성 암세포주인 PK45P 또는 MIAPaca2에 대하여 현저하게 높은 세포독성 효과를 보여주었다.

[0496] **HLA-A*2402에 한정된 KNTC2 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 KNTC2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**

[0497] KNTC2로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 7에 나타내었다. 특히, KNTC2-A24-9-309(서열번호 196), KNTC2-A24-9-124(서열번호 202), KNTC2-A24-9-154(서열번호 206)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, KNTC2-A24-9-309(서열번호 196)로 자극된 2번 양성 웰, KNTC2-A24-9-124(서열번호 202)로 자극된 3번 양성 웰, KNTC2-A24-9-154(서열번호 206)로 자극된 5번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펄스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펄스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 7a 내지 도 7e에 나타내었다. 표 8에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(KNTC2 -A24-9-124 및 KNTC2 -A24-9-154)를 도 7a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

호 210), KNTC2-A24-9-150(서열번호 213), KNTC2-A24-10-452(서열번호 214), KNTC2-A24-10-227(서열번호 217) 및 KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, KNTC2-A24-9-309(서열번호 196)로 자극된 8번 양성 웰, KNTC2-A24-9-124(서열번호 202)로 자극된 5번 양성 웰, KNTC2-A24-9-154(서열번호 210)로 자극된 5번 양성 웰, KNTC2-A24-9-150(서열번호 213)로 자극된 7번 양성 웰, KNTC2-A24-10-452(서열번호 214)로 자극된 4번 및 5번 양성 웰, KNTC2-A24-10-227(서열번호 217)로 자극된 1번 양성 웰 및 KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)로 자극된 8번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 결과는 도 7a 내지 도 7h에 나타내었다. 표 8에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(KNTC2-A24-10-610)를 도 7a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

[0498] **KNTC2-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**

[0499] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. KNTC2-A24-9-154(서열번호 210) 5번 CTL 세포주 및 KNTC2-A24-10-452(서열번호 214) 5번 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 7d 및 f에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.

[0500] **KNTC2 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**

[0501] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 KNTC2 및 HLA-A*2402를 발현하는 표적 세포를 인지하는 그들의 능력에 대하여 시험하였다. KNTC2 및 HLA-A*2402를 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 KNTC2 유전자 및 HLA-A*2402 분자 모두로 형질도입된 HEK293에 대한 특이적 CTL 활성을 KNTC2-A24-10-452(서열번호 214)에 의해 자극된 CTL 클론을 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*2402를 제외한 전장 KNTC2만 형질도입시킨 HEK293, 전장 KNTC2를 제외한 HLA-A*2402만 형질도입시킨 HEK293 및 HLA-A*2402로 형질도입되고 KNTC2-9-309로 펠스된 HEK293을 대조군으로서 준비하였다. KNTC2 및 HLA-A*2402 모두로 형질도입된 HEK293은 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내었다(도 7f).

[0502] 상기 결과는 KNTC2-A24-10-452(서열번호 214)가 표적 세포 표면에 HLA-A2402 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 KNTC2를 발현하는 암 표적으로 하는 암 백신으로 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.

[0503] **HLA-A*0201에 한정된 TTK 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 TTK-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**

[0504] TTK로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 8에 나타내었다. 도 8b 내지 도 8d에서 나타난 바와 같이, TTK-A2-9-462(서열번호 227), TTK-A2-9-547(서열번호 228), TTK-A2-9-719(서열번호 233) 및 TTK-A2-10-462(서열번호 254)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, TTK-A2-9-462(서열번호 227)로 자극된 4번 양성 웰, TTK-A2-9-547(서열번호 228)로 자극된 2번 양성 웰, TTK-A2-9-719(서열번호 233)로 자극된 1번 양성 웰 및 TTK-A2-10-462(서열번호 254)로 자극된 8번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 표 9에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*0201에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(TTK-A2-9-278)를 도 8a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.

[0505] **TTK-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 클론의 확립**

[0506] 또한, 상기 CTL 세포주에 대한 한계 희석을 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 수행하였다. TTK-A2-9-462(서열번호 227) 4번 CTL 세포주, TTK-A2-9-547(서열번호 228) 2번 CTL 세포주, TTK-A2-9-719(서열번호 233) 1번 CTL 세포주 및 TTK-A2-10-462(서열번호 254) 8번 CTL 세포주로부터 확립된 CTL 클론은 도 8c, d 및 e에 나타내었다. CTL 클론은 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 강력하고 특이적인 CTL 활성을 가지고 있었다.

- [0507] **TTK 및 HLA-A*0201을 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**
- [0508] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 TTK 및 HLA-A*0201을 발현하는 표적 세포를 인지하는 그들의 능력에 대하여 검사하였다. TTK 및 HLA-A*0201을 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 TTK 유전자 및 HLA-A*0201 분자 모두로 형질도입된 COS7에 대한 특이적 CTL 활성을 TTK-A2-9-462(서열번호 227), TTK-A02-9-547(서열번호 228), TTK-A2-9-719(서열번호 233) 및 TTK-A2-10-462(서열번호 254)에 의해 자극된 CTL 클론을 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*0201을 제외한 전장 TTK만 형질도입한 COS7, 전장 TTK를 제외한(또는 전장 HIG2 유전자로 대체한) HLA-A*0201만 형질도입시킨 COS7 및 HLA-A*0201로 형질도입되고 다른 표적 에피토프 펩티드로 펠스된 COS7을 대조군으로서 준비하였다. TTK 및 HLA-A*0201 모두로 형질도입된 COS7은 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내었다(도 8b, c, d 및 e).
- [0509] 상기 결과는 TTK-A2-9-462(서열번호 227), TTK-A02-9-547(서열번호 228), TTK-A2-9-719(서열번호 233) 및 TTK-A02-10-462(서열번호 254)가 표적 세포 표면에 HLA-A2 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 TTK를 발현하는 암을 표적으로 하는 암 백신으로서 제공될 수 있는 에피토프 펩티드이다.
- [0510] **HLA-A*0201에 한정된 URLC10 유래의 예측된 펩티드를 사용한 T 세포 자극 및 URLC10-유래 펩티드로 자극시킨 CTL 세포주의 확립**
- [0511] URLC10로부터 유래한 펩티드에 대한 CTL은 상기 “재료 및 방법”에 기재된 프로토콜에 따라 제조되었다. IFN-감마 ELISPOT 분석에 의해 평가된 검출 가능한 특이적 CTL 활성을 가지는 CTL에 대한 결과를 도 9에 나타내었다. 도 9b 내지 도 9d에 나타난 바와 같이, URLC-A2-9-206(서열번호 271), URLC-A2-9-212(서열번호 272) 및 URLC-A2-10-211(서열번호 288)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, URLC-A2-9-206(서열번호 271)로 자극된 7번 양성 웰, URLC-A2-9-212(서열번호 272)로 자극된 3번 양성 웰 및 URLC-A2-10-211(서열번호 288)로 자극된 5번 양성 웰의 세포를 증식시켜 CTL 세포주를 확립하였다. 상기 CTL 세포는 펩티드로 펠스되지 않은 표적에 대한 활성과 비교하였을 때, 펩티드-펠스된 표적에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 가지고 있음을 ELISA를 통해 확인하였다. 표 10에서 나타난 다른 펩티드는 HLA-A*0201에 대한 결합 활성을 나타내지만 CTL 세포주를 확립할 수 없었다. 예를 들어, 전형적인 음성 펩티드(URLC-A2-9-58)를 도 9a에 나타내었다. 본 발명에서, CTL 세포주를 확립할 수 있는 상기 펩티드를 강력한 CTL 자극 펩티드로서 선별하였다.
- [0512] **URLC10 및 HLA-A*0201을 발현하는 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성**
- [0513] 상기 펩티드에 의해 자극된 상기에서 확립된 CTL 세포주를 URLC10 및 HLA-A*0201을 내재적으로 발현하는 표적 세포를 인지하는 그들의 능력에 대하여 시험하였다. URLC10 및 HLA-A*0201을 내재적으로 발현하는 표적 세포의 특이적 모델로서 제공된, 전장 URLC10 유전자 및 HLA-A*0201 분자 모두로 형질도입된 COS7, HEK293 및 293T에 대한 특이적 CTL 활성을 URLC10-A02-10-211에 의해 자극된 CTL 세포주를 작용세포로 사용하여 시험하였다. HLA-A*0201(HLA-A*2402로 대체)을 제외한 전장 URLC10만 형질도입한 COS7, HEK293 또는 293T, 전장 URLC10을 제외한 HLA-A*0201만 형질도입시킨 COS7, HEK293 또는 293T 및, HLA-A*0201로 형질도입되고 다른 표적 에피토프 펩티드(URLC10-A02-10-64)로 펠스된 COS7을 대조군으로서 준비하였다. 가장 높은 특이적 CTL 활성을 나타내는 것은 URLC10 및 HLA-A*0201 모두로 형질도입된 COS7, HEK293 또는 293T이었다(도 9-2).
- [0514] 상기 결과는 URLC10-A02-10-211이 표적 세포 표면에 HLA-A*0201 분자와 함께 자연적으로 발현되어 CTL을 인지하는 것을 명확하게 나타내는 것이다. 더욱이, 상기 펩티드는 URLC10을 발현하는 암을 표적으로 하는 암 백신으로서 사용될 수 있는 에피토프 펩티드이다.
- [0515] **항원 펩티드의 상동성 분석**
- [0516] 상기 확립된 CTL 세포주는 하기 펩티드들에 대하여 강력한 특이적 CTL 활성을 보이는 것이 확인되었다.
- [0517] CDH3-A24-9-513(서열번호 19),
- [0518] CDH3-A24-9-406(서열번호 22),
- [0519] CDH3-A24-10-807(서열번호 30),
- [0520] CDH3-A24-10-332(서열번호 34),

- [0521] CDH3-A24-10-655(서열번호 344),
- [0522] CDH3-A24-10-470(서열번호 358),
- [0523] EPHA4-A24-9-453(서열번호 41),
- [0524] EPHA4-A24-9-5(서열번호 44),
- [0525] EPHA4-A24-9-869(서열번호 46),
- [0526] EPHA4-A24-9-420(서열번호 48),
- [0527] EPHA4-A24-10-24(서열번호 78),
- [0528] EPHA4-A02-9-501(서열번호 376),
- [0529] EPHA4-A02-9-165(서열번호 379),
- [0530] ECT2-A24-9-515(서열번호 80),
- [0531] ECT2-A24-10-40(서열번호 100),
- [0532] ECT2-A24-10-101(서열번호 101),
- [0533] HIG2-A24-9-19(서열번호 110),
- [0534] HIG2-A24-9-22(서열번호 111),
- [0535] HIG2-A24-9-8(서열번호 387),
- [0536] HIG2-A24-10-7(서열번호 112),
- [0537] HIG2-A24-10-18(서열번호 394),
- [0538] HIG2-A02-9-8(서열번호 114),
- [0539] HIG2-A02-9-15(서열번호 116),
- [0540] HIG2-A02-9-4(서열번호 117),
- [0541] HIG2-A02-10-8(서열번호 121),
- [0542] INHBB-A24-9-180(서열번호 395),
- [0543] INHBB-A24-10-180(서열번호 133),
- [0544] INHBB-A24-10-305(서열번호 135),
- [0545] INHBB-A24-10-7(서열번호 137),
- [0546] INHBB-A24-10-212(서열번호 426),
- [0547] KIF20A-A24-9-305(서열번호 174),
- [0548] KIF20A-A24-9-383(서열번호 178),
- [0549] KIF20A-A24-10-304(서열번호 186),
- [0550] KIF20A-A24-10-66(서열번호 194),
- [0551] KNTC2-A24-9-309(서열번호 196),
- [0552] KNTC2-A24-9-124(서열번호 202),
- [0553] KNTC2-A24-9-154(서열번호 210),
- [0554] KNTC2-A24-9-150(서열번호 213),
- [0555] KNTC2-A24-10-452(서열번호 214),
- [0556] KNTC2-A24-10-227(서열번호 217),

- [0557] KNTC2-A24-10-273(서열번호 223),
- [0558] TTK-A02-9-462(서열번호 227),
- [0559] TTK-A02-9-547(서열번호 228),
- [0560] TTK-A02-9-719(서열번호 233),
- [0561] TTK-A02-10-462(서열번호 254),
- [0562] URLC-A02-9-206(서열번호 271),
- [0563] URLC-A02-9-212(서열번호 272) 및
- [0564] URLC-A02-10-211(서열번호 288).
- [0565] 이는 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 서열은 인간 면역계를 감작하는 것으로 알려진 다른 분자로부터 유래한 펩티드와 상동성이 있음을 제시한다.
- [0566] 상기와 같은 가능성을 제거하기 위하여, BLAST 알고리즘([//www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi))을 사용 쿼리(queries)로서 펩티드 서열을 사용하여 상동성 분석을 수행하였다. 유의한 서열 상동성은 발견되지 않았다.
- [0567] 상기 결과는 서열번호 19, 22, 30, 34, 344, 358, 41, 44, 46, 48, 78, 376, 379, 80, 100, 101, 110, 111, 387, 112, 394, 114, 116, 117, 121, 395, 133, 135, 137, 426, 174, 178, 186, 194, 196, 202, 210, 213, 214, 217, 223, 227, 228, 233, 254, 271, 272 또는 288의 서열이 고유하며, 임의의 무관한 분자에 대한 의도하지 않은 면역 반응을 일으킬 위험이 낮다는 것을 제시한다.
- [0568] **토론**
- [0569] 특히, 강력하고 특이적인 항종양 면역 반응을 유도하는 새로운 TAA의 분류는 펩티드 백신 접종법이 다양한 형태의 암에 대한 임상 적용에서 더욱 발전할 것을 보증한다(Boon t. *et al.*, 1996, *J Exp Med.* 183: 725-9; van der Bruggen P *et al.*, 1991, *Science* 254: 1643-7; Brichard V *et al.*, 1993, *J Exp Med.* 178: 489-95; Kawakami Y *et al.*, 1994, *J Exp Med.* 180: 347-52; Shichijo S *et al.*, 1998, *J Exp Med.* 187: 277-88; Chen YT *et al.*, 1997, *Proc.Natl.Acd. Sci. USA*, 94: 1914-8; Harris CC., 1996, *J Natl Cancer Inst* 88: 1442-5; Butterfield LH *et al.*, 1999, *Cancer Res.* 59: 3134-42; Vissers JL *et al.*, 1999, *Cancer Res.* 59: 5554-9; van der Burg SH *et al.*, 1996, *j. Immunol.* 156: 3308-14; Tanaka F *et al.*, 1997, *Cancer Res.* 57: 4465-8; Fujie T *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 80: 169-72; Kikuchi M *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 81: 459-66; Oiso M *et al.*, 1999, *Int J Cancer* 81: 387-94).
- [0570] cDNA 마이크로어레이 기술은 악성 세포 유전자 발현의 포괄적인 프로파일을 제공하고(Lin YM, *et al.*, *Oncogene.* 2002, 21: 4120-8; Kitahara O, *et al.*, *Cancer Res.* 2001, 61: 3544-9; Suzuki C, *et al.*, *Cancer Res.* 2003, 63: 7038-41; Ashida S, *Cancer Res.* 2004, 64: 5963-72; Ochi K, *et al.*, *Int J Oncol.* 2004, 24(3): 647-55; Kaneta Y, *et al.*, *Int J Oncol.* 2003, 23: 681-91; Obama K, *Hepatology.* 2005, 41: 1339-48; Kato T, *et al.*, *Cancer Res.* 2005, 65: 5638-46; Kitahara O, *et al.*, *Neoplasia.* 2002, 4: 295-303; Saito-Hisaminato A *et al.*, *DNA Res* 2002, 9: 35-45), TAA 후보의 분류에서 유용할 수 있다. 다양한 암에서 상향 조절되는 전사체 중, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10로 명명된 새로운 인간 유전자들을 상기 기술을 이용하여 확인하였다.
- [0571] 전술한 바와 같이, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10은 다양한 암에서 과발현하지만, 정상 조직에서는 최소한으로 발현하는 것으로 보인다. 더군다나, 이러한 유전자는 세포 증식에 관련한 중요한 기능을 갖는다. 그러므로, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10 유래의 펩티드는 TAA 에피토프로서 기능할 수 있으며, 암 세포에 대하여 현저하고 특이적인 면역 반응을 유도하는데 이용할 수 있다.
- [0572] 따라서, CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KNTC2, TTK 및 URLC10은 신규 TAA이며, 상기 에피토프 펩티드를 이용하는 백신은 상기 분자를 발현하는 다양한 암 또는 다른 질환에 대한 면역 치료법으로 유용하다.

산업상 이용 가능성

- [0573] 본 발명은 TAA 강력하고 특이적인 항암 면역 반응을 유도하는 신규 TAA들을 동정한다. 상기 TAA는 예를 들면, 암과 같은 CDH3, EPHA4, ECT2, HIG2, INHBB, KIF20A, KN2C2, TTK 및/또는 URLC10의 과발현과 관련된 질병에 대한 펩티드 백신으로서 더욱 개발하는 것을 보증한다.
- [0574] 본 명세서에서 인용한 특허, 특허 출원 및 간행물은 참조로서 본 명세서에 모두 포함된다.
- [0575] 본 발명이 특정 구체예에 대한 참조와 함께 상세하게 기재되어 있지만, 이러한 기재는 사실상 예시적이고 설명적인 것으로, 본 발명 및 그 바람직한 구체예를 설명하기 위한 의도이다. 전형적인 실험을 통하여, 당업자는 본 발명의 사상 및 범위를 벗어나지 않고 다양한 변경 또는 수정이 가해질 수 있다는 것을 쉽게 인식할 것이다. 그러므로 본 발명은 상기 기재에 의하여 한정되지 않으며, 이하의 특허청구범위 및 그 동등한 범위로 한정된다.

도면의 간단한 설명

- [0262] 하기에서 기술한 도면의 간단한 설명, 본 발명의 상세한 설명 및 바람직한 구체예를 통해 당업자라면 본 발명의 다양한 양태 및 응용을 쉽게 알 수 있을 것이다:
- [0263] [도 1a] 도 1은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, CDH3-A24-10-332(서열번호 34), CDH3-A24-10-470(서열번호 358), CDH3-A24-9-513(서열번호 19), CDH3-A24-9-406(서열번호 22), CDH3-A24-10-807(서열번호 30) 및 CDH3-A24-10-655(서열번호 344)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA-A*2402에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출될 수 없는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 CDH3-A24-10-332(서열번호 34)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-10-332(서열번호 34)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 4번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "c"는 CDH3-A24-10-470(서열번호 358)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-10-470(서열번호 358)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 4번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "d"는 CDH3-A24-9-513(서열번호 19)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-9-513(서열번호 19)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 6번 웰에서 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 중간 패널의 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "e"는 CDH3-A24-9-406(서열번호 22)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-9-406(서열번호 22)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.
- [0264] [도 1b] 도 1은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, CDH3-A24-10-332(서열번호 34), CDH3-A24-10-470(서열번호 358), CDH3-A24-9-513(서열번호 19), CDH3-A24-9-406(서열번호 22), CDH3-A24-10-807(서열번호 30) 및 CDH3-A24-10-655(서열번호 344)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "f"는 CDH3-A24-10-807(서열번호 30)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-10-807(서열번호 30)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 클론은 전장의 CDH3 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다(하위 오른쪽 그래프). 한편, HLA-A24를 제외한 전장 CDH3만으로 형질도입된 COS7 및 전장 CDH3을 제외한 HLA-A24만으로 형질도입된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. 상기에서 확립된 CTL 세포주는 전장 CDH3 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성이 확인되었다. "g"는 CDH3-A24-10-655(서열번호 344)의 CTL-유도능을 나타낸다. CDH3-A24-10-655(서열번호 344)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 클론은 전장의 CDH3 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다(하위 오른쪽 그래프). 한편, HLA-A24를 제외한 전장 CDH3만으로 형질도입된 COS7 및 전장 CDH3을 제외한 HLA-A24만으로 형질도입된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. 상기 CTL 클론은 CDH3 및 HLA-A24로 형질도입

된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보여주었다.

[0265]

[도 2] 도 2는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, Epha4-A24-9-453(서열번호 41), Epha4-A24-9-5(서열번호 44), Epha4-A24-9-420(서열번호 48), Epha4-A24-9-869(서열번호 46), Epha4-A24-10-24(서열번호 78) Epha4-A02-9-501(서열번호 376) 및 Epha4-A02-9-165(서열번호 379)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 Epha4-A24-9-453(서열번호 41)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A24-9-453(서열번호 41)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "c"는 Epha4-A24-9-5(서열번호 44)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A24-9-5(서열번호 44)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "d"는 Epha4-A24-9-420(서열번호 48)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A24-9-420(서열번호 48)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 상위 패널의 박스 표시한 웰의 6번 웰에서 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 중간 패널의 박스 표시한 웰의 6번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "e"는 Epha4-A24-9-869(서열번호 46)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A24-9-869(서열번호 46)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "f"는 Epha4-A24-10-24(서열번호 78)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A24-10-24(서열번호 78)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 4번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "g"는 Epha4-A02-9-501(서열번호 376)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A02-9-501(서열번호 376)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 8번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대하여 상기에서 확립된 CTL 세포주의 세포독성 활성을 Cr-방출 분석(CRA)을 통하여 측정하였고(하위 그래프), 상기 CTL 세포주는 상기 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대하여 매우 강력한 특이적 세포독성 활성을 가지고 있었다. "h"는 Epha4-A02-9-165(서열번호 379)의 CTL-유도능을 나타낸다. Epha4-A02-9-165(서열번호 379)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 상기에서 확립된 CTL 세포주의 세포독성 활성을 Cr-방출 분석을 통하여 측정하였고(오른쪽 그래프), 상기 CTL 세포주는 상기 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대하여 매우 강력한 특이적 세포독성 활성을 가지고 있었다.

[0266]

[도 3] 도 3은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, ECT2-A24-9-515(서열번호 80), ECT2-A24-10-40(서열번호 100) 및 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 ECT2-A24-9-515(서열번호 80)의 CTL-유도능을 나타낸다. ECT2-A24-9-515(서열번호 80)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 5번 및 7번 웰에서 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 두 번째 패널의 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 암 세포주에 대한 상기 CTL 세포주인 내재적으로 ECT2 및 HLA-A24를 발현하는 TE6의 세포독성 활성은 Cr-방출 분석(CRA)을 통하여 측정하였고, 상기 CTL 클론은 TE6에 대하여 매우 강력한 세포독성을 나타내었다. 한편, ECT2만을 발현하는 TE5 암 세포주에 대한 상기 CTL 세포주의 세포독성 활성이 작용 세포(effector cells)에서는 확인되지 않았다. "c"는 ECT2-A24-10-40(서열번호 100)의 CTL-유도능을 나타낸다. ECT2-A24-10-40(서열번호 100)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 클론은 전장의 ECT 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. 한편, HLA-A24를 제외한 전장 ECT2로 형질도입된 COS7, 전장 ECT2의 대용물로서 URLC10 유전자 및 HLA-A24로 형질도입된 COS7 및, HLA-A24로 형질도입되고 ECT2-10-101로 펄스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. 상기 CTL 클론은 ECT2 및 HLA-A24로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보여주었다. "d"는 ECT2-A24-10-101(서열번호 101)의 CTL-유도능을 나타낸다. ECT2-A24-10-101(서열번호 101)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 양성

웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 클론은 전장의 ECT2 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. HLA-A24를 제외한 전장 ECT2로 형질도입된 COS7, 전장 ECT2의 치환체로서 URLC10 유전자 및 HLA-A24로 형질도입된 COS7 및 HLA-A24로 형질도입되고 ECT2-10-40로 펠스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. 상기 CTL 클론은 ECT2 및 HLA-A24로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보여주었다.

[0267]

[도 4a] 도 4는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, HIG2-A24-9-19(서열번호 110), HIG2-A24-9-22(서열번호 111), HIG2-A24-9-8(서열번호 387) HIG2-A24-10-7(서열번호 112), HIG2-A24-10-18(서열번호 394) HIG2-A02-9-15(서열번호 116), HIG2-A02-9-4(서열번호 117) 및 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 HIG2-A24-9-19(서열번호 110)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A24-9-19(서열번호 110)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 6번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "c"는 HIG2-A24-9-22(서열번호 111)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A24-9-22(서열번호 111)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "d"는 HIG2-A24-9-8(서열번호 387)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A24-9-8(서열번호 387)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "e"는 HIG2-A02-9-8(서열번호 114)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A02-9-8(서열번호 114)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 10번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 세포주는 전장의 HIG2 유전자 및 HLA-A02 분자를 형질도입한 293T에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. HLA-A02를 제외한 전장 HIG2로 형질도입된 293T, 전장 HIG2의 대응물로서 FoxP3 유전자 및 HLA-A02로 형질도입된 293T 및 HLA-A02로 형질도입되고 HIG2-9-15로 펠스된 293T를 음성 대조군으로 제조하였다. 상기 CTL 세포주가 상기 펩티드에 의해 전장 HIG2 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 293T에 대한 높은 특이적 CTL 활성을 나타내었다.

[0268]

[도 4b] 도 4는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, HIG2-A24-9-19(서열번호 110), HIG2-A24-9-22(서열번호 111), HIG2-A24-9-8(서열번호 387) HIG2-A24-10-7(서열번호 112), HIG2-A24-10-18(서열번호 394) HIG2-A02-9-15(서열번호 116), HIG2-A02-9-4(서열번호 117) 및 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "f"는 HIG2-A24-10-7(서열번호 112)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A24-10-7(서열번호 112)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 및 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "g"는 HIG2-A24-10-18(서열번호 394)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A24-10-18(서열번호 394)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "h"는 HIG2-A02-9-15(서열번호 116)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A02-9-15(서열번호 116)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 10번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 세포주는 전장의 HIG2 유전자 및 HLA-A02 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. HLA-A02를 제외한 전장 HIG2로 형질도입된 COS7 및 HLA-A02로 형질도입되고 HIG2-9-8로 펠스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. 상기 CTL 세포주는 HIG2 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다.

[0269]

[도 4c]도 4는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, HIG2-A24-9-19(서열번호 110), HIG2-A24-9-22(서열번호 111), HIG2-A24-9-8(서열번호 387) HIG2-A24-10-7(서열번호 112), HIG2-A24-10-18(서열번호 394) HIG2-A02-9-15(서열번호 116), HIG2-A02-9-4(서열번호 117) 및 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "i"는 HIG2-A02-9-4(서열번호 117)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A02-9-4(서열번호 117)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 10번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 세포주는 전장의 HIG2 유전자 및 HLA-A02 분자를 형질도입한 COS7에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다(중간 그래프). 또한, HLA-A02를 제외한 전장 HIG2로 형질도입된 COS7, 전장 HIG2의 치환체로서 TTK 유전자 및 HLA-A02로 형질도입된 COS7 및, HLA-A02로 형질도입되고 HIG2-9-8로 펠스된 COS7을 음성

대조군으로 제조하였다. 전장 HIG2 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 293T 및 내재적으로 HIG2 및 HLA-A02를 발현하는 Caki-1 암 세포주에 대한 상기 CTL 클론의 세포독성 활성은 Cr-방출 분석을 통하여 측정하였고(하위 그래프), 상기 CTL 클론은 HIG2 유전자 및 HLA-A02의 형질도입체 및 Caki-1에 대하여 매우 강력한 세포독성 활성을 가지고 있었다. 한편, HIG2 또는 HLA-A02만으로 형질도입된 293T 및 HIG2만을 발현하는 A498 암 세포주에 대한 CTL 세포주의 세포독성 활성은 검출되지 않는 것이 작용세포에서는 확인되지 않았다. "j"는 HIG2-A02-10-8(서열번호 121)의 CTL-유도능을 나타낸다. HIG2-A02-10-8(서열번호 121)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 9번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

[0270]

[도 5a]도 5는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, INHBB-A24-9-180(서열번호 395) INHBB-A24-10-180(서열번호 133), INHBB-A24-10-305(서열번호 135), INHBB-A24-10-7(서열번호 137) 및 INHBB-A24-10-212(서열번호 426)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 INHBB-A24-9-180(서열번호 395)의 CTL-유도능을 나타낸다. INHBB-A24-9-180(서열번호 395)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. INHBB 및 HLA-A02 모두를 발현하는 Miapaca2 종양세포에 의해 유도된, 상기 확립된 CTL 클론의 세포독성 활성은 Cr-방출 분석(CRA)을 통하여 측정하였고, 작용세포는 Miapaca2에 대하여 높은 특이적 세포독성 활성을 보여주었다. 한편, INHBB는 발현하지만 HLA-A02는 발현하지 않는 Caki-1에 대해서는 유의한 특이적 세포독성 활성을 보이지 않았다. "c"는 INHBB-A24-10-180(서열번호 133)의 CTL-유도능을 나타낸다. INHBB-A24-10-180(서열번호 133)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 세포주는 전장의 INHBB 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 293T에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 INHBB로 형질도입된 293T 및 HLA-A24로 형질도입되고 INHBB-10-305로 펄스된 293T를 음성 대조군으로 제조하였다.

[0271]

[도 5b] 도 5는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, INHBB-A24-9-180(서열번호 395) INHBB-A24-10-180(서열번호 133), INHBB-A24-10-305(서열번호 135), INHBB-A24-10-7(서열번호 137) 및 INHBB-A24-10-212(서열번호 426)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "d"는 INHBB-A24-10-305(서열번호 135)의 CTL-유도능을 나타낸다. INHBB-A24-10-305(서열번호 135)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 펩티드에 의해서 유도된, 상기 수립된 CTL 클론은 전장의 INHBB 유전자 및 HLA-A24 분자를 형질도입한 293T에 대해서 특이적 CTL 활성을 나타냈다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 INHBB로 형질도입된 293T 및 HLA-A24로 형질도입되고 INHBB-10-180로 펄스된 293T를 음성 대조군으로 제조하였다. "e"는 INHBB-A24-10-7(서열번호 137)의 CTL-유도능을 나타낸다. INHBB-A24-10-7(서열번호 137)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 상위 패널의 박스 표시한 웰의 8번 웰 및 하위 패널의 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 8번 웰로부터 얻은 상기 CTL 세포주의 전장 INHBB 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 293T에 대한 특이적 CTL 활성을 확인하였다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 INHBB로 형질도입된 293T 및 HLA-A24로 형질도입되고 INHBB-10-40로 펄스된 293T를 음성 대조군으로 제조하였다. "f"는 INHBB-A24-10-212(서열번호 426)의 CTL-유도능을 나타낸다. INHBB-A24-10-212(서열번호 426)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

[0272]

[도 6a] 도 6은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, KIF20A-A24-10-304(서열번호 186), KIF20A-A24-9-383(서열번호 178), KIF20A-A24-10-66(서열번호 194) 및 KIF20A-A24-9-305(서열번호 174)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)의 CTL-유도능을 나타낸다. KIF20A-A24-10-304(서열번호 186)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 하위 오른쪽 패널의 박스 표시한 웰의 5번 웰에서 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 상위 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 또한 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 상기에서 확립된 CTL 클론이 상기 펩티드에 의해 전장 KIF20A로 형질도입된 24-LCL에 대한 특이적 CTL 활성이 증가된 것을 확인하였다. 또한, 공벡터로 형질도입된 A24-LCL을 음성 대조군으로 제조하였다. KIF20A 및 HLA-A24를 발현하는

Miapaca2 종양세포에 대한 상기 CTL 세포주의 세포독성 활성은 Cr-방출 분석(CRA)을 통하여 측정하였고, 상기 CTL 클론은 Miapaca2에 대하여 매우 강력한 세포독성 활성을 가지고 있었다(하위 오른쪽 그래프). 한편, KIF20A는 발현하지만 HLA-A24는 발현하지 않는 PK59에 대한 유의한 특이적 세포독성 활성은 나타나지 않았다. "c"는 KIF20A-A24-9-383(서열번호 178)의 CTL-유도능을 나타낸다. KIF20A-A24-9-383(서열번호 178)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 오른쪽 패널의 박스 표시한 웰의 3번 및 4번 웰에서 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 또한 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 상기에서 확립된 CTL 세포주는 전장 KIF20A 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성이 확인되었다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 KIF20A로 형질도입된 COS7 및 HLA-A24로 형질도입되고 HIG2-9-15로 펄스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다.

[0273]

[도 6b] 도 6은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, KIF20A-A24-10-304(서열번호 186), KIF20A-A24-9-383(서열번호 178), KIF20A-A24-10-66(서열번호 194) 및 KIF20A-A24-9-305(서열번호 174)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "d"는 KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)의 CTL-유도능을 나타낸다. KIF20A-A24-10-66(서열번호 194)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 상위 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 6번 웰 및 하위 중간 패널의 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 6번 웰의 CTL 세포주에서 한계 희석에 의해 선별된 CTL 클론은 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성을 나타내었다. 상기에서 확립된 CTL 클론이 전장 KIF20A 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 COS7에 대한 특이적 CTL 활성이 증가된 것을 확인하였다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 KIF20A로 형질도입된 COS7, 전장 KIF20A의 대체물로서 URLC10 유전자 및 HLA-A24로 형질도입된 COS7 및, HLA-A24로 형질도입되고 KIF20A-10-308 펩티드로 펄스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. "e"는 KIF20A-A24-9-305(서열번호 174)의 CTL-유도능을 나타낸다. KIF20A-A24-9-305(서열번호 174)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 상위 왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 2번 웰 및 하위 중간 패널의 박스 표시한 웰의 6번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 2번 웰의 CTL 세포주로부터 한계 희석에 의해 선별된 CTL 클론도 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성을 확인하였다. KIF20A 및 HLA-A24를 발현하는 PK45P 종양세포에 대한 상기 CTL 세포주의 세포독성 활성은 Cr-방출 분석(CRA)을 통하여 측정하였고, 상기 CTL 클론은 PK45P에 대하여 매우 강력한 세포독성 활성을 가지고 있었다. 한편, KIF20A는 발현하지만 HLA-A24는 발현하지 않는 PK59에서는 유의한 특이적 세포독성이 나타나지 않았다.

[0274]

[도 7a] 도 7은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, KNTC2-A24-9-309(서열번호 196), KNTC2-A24-9-124(서열번호 202), KNTC2-A24-9-154(서열번호 210), KNTC2-A24-9-150(서열번호 213), KNTC2-A24-10-452(서열번호 214), KNTC2-A24-10-227(서열번호 217) 및 KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성 펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 KNTC2-A24-9-309(서열번호 196)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-9-309(서열번호 196)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 8번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "c"는 KNTC2-A24-9-124(서열번호 202)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-9-124(서열번호 202)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "d"는 KNTC2-A24-9-154(서열번호 210)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-9-154(서열번호 210)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "e"는 KNTC2-A24-9-150(서열번호 213)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-9-150(서열번호 213)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

[0275]

[도 7b] 도 7은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, KNTC2-A24-9-309(서열번호 196) KNTC2-A24-9-124(서열번호 202) KNTC2-A24-9-154(서열번호 210) KNTC2-A24-9-150(서열번호 213), KNTC2-A24-10-452(서열번호 214), KNTC2-A24-10-227(서열번호 217) 및 KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "f"는 KNTC2-A24-10-452(서열번호 214)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-10-452(서열번호 214)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 상위

왼쪽 패널의 박스 표시한 웰의 4번 웰 및 중간 패널의 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 또한, 5번 웰의 CTL 세포주로부터 한계 희석에 의해 선별된 CTL 클론은 표적 세포에 대한 특이적 CTL 활성을 나타내었다. 4번 웰로부터 확립된 CTL 세포주는 전장 KNTC2 유전자 및 HLA-A24 분자로 형질도입된 HEK293에 대하여 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A24를 제외한 전장 KNTC2로 형질도입된 HEK293, 전장 KNTC2를 제외한 HLA-A24로 형질도입된 HEK293 및, HLA-A24로 형질도입되고 KNTC-9-309로 펠스된 HEK293을 음성 대조군으로 제조하였다. "g"는 KNTC2-A24-10-227(서열번호 217)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-10-227(서열번호 217)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. "h"는 KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)의 CTL-유도능을 나타낸다. KNTC2-A24-10-273(서열번호 223)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 8번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

[0276]

[도 8a]도 8은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, TTK-A02-9-462(서열번호 227), TTK-A02-9-719(서열번호 233), TTK-A02-9-547(서열번호 228) 및 TTK-A02-10-462(서열번호 254)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 TTK-A02-9-462(서열번호 227)의 CTL-유도능을 나타낸다. TTK-A02-9-462(서열번호 227)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 4번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 2개 클론이 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다. 상기 확립된 CTL 클론은 전장 TTK 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A02를 제외한 전장 TTK2로 형질도입된 COS7, 전장 TTK를 제외한 HLA-A02로 형질도입된 COS7 및, HLA-A02로 형질도입되고 TTK-9-547 펩티드로 펠스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다. "c"는 TTK-A02-9-719(서열번호 233)의 CTL-유도능을 나타낸다. TTK-A02-9-719(서열번호 233)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 1번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 확립된 CTL 세포주는 전장 TTK 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A02를 제외한 전장 TTK로 형질도입된 COS7 및 전장 TTK의 치환체로서 HIG2 유전자 및 HLA-A02로 형질도입된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다.

[0277]

[도 8b] 도 8은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, TTK-A02-9-462(서열번호 227), TTK-A02-9-719(서열번호 233), TTK-A02-9-547(서열번호 228) 및 TTK-A02-10-462(서열번호 254)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "d"는 TTK-A02-9-547(서열번호 228)의 CTL-유도능을 나타낸다. TTK-A02-9-547(서열번호 228)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 2번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다. 상기 확립된 CTL 세포주는 전장 TTK 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A02를 제외한 전장 TTK로 형질도입된 COS7, 전장 TTK를 제외한 HLA-A02로 형질도입된 COS7 및 HLA-A02로 형질도입되고 TTK-10-462로 펠스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다.

[0278]

[도 8c] 도 8은 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, TTK-A02-9-462(서열번호 227), TTK-A02-9-719(서열번호 233), TTK-A02-9-547(서열번호 228) 및 TTK-A02-10-462(서열번호 254)가 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "e"는 TTK-A02-10-462(서열번호 254)의 CTL-유도능을 나타낸다. TTK-A02-10-462(서열번호 254)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 8번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 3개 클론이 확립되었다. 상기 확립된 CTL 클론은 전장 TTK 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 COS7에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A02를 제외한 전장 TTK로 형질도입된 COS7, 전장 TTK를 제외한 HLA-A02로 형질도입된 COS7 및 HLA-A02로 형질도입되고 TTK-9-547 펩티드로 펠스된 COS7을 음성 대조군으로 제조하였다.

[0279]

[도 9a]도 9는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, URLC10-A02-9-206(서열번호 271), URLC10-A02-9-212(서열번호 272) 및 URLC10-A02-10-211(서열번호 288)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "a"는 HLA에 대한 결합 활성은 있지만, CTL-유도능은 검출되지 않는 음성펩티드의 예를 나타낸다. "b"는 URLC10-A02-9-206(서열번호 271)의 CTL-유도능을 나타낸다. URLC10-A02-9-206(서열번호 271)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 7번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었으며, 상기 에피토프 펩티드로 펠스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

"c"는 URLC10-A02-9-212(서열번호 272)의 CTL-유도능을 나타낸다. URLC10-A02-9-212(서열번호 272)는 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 3번 양성 웰로부터 CTL 세포주가 확립되었다. 상기 에피토프 펩티드로 펄스된 표적 세포에 대한 특이적 반응을 확인하였다.

"d"는 URLC10-A02-10-211(서열번호 288)의 CTL-유도능을 나타낸다. URLC10-A02-10-211(서열번호 288)은 IFN-감마 ELISPOT 분석에서 대조군에 비하여 강력한 IFN-감마 생성이 증명되었고, 박스 표시한 웰의 5번 양성 웰로부터 CTL 세포주 및 클론이 확립되었다.

[0280]

[도 9b]도 9는 에피토프 펩티드의 스크리닝 결과, URLC10-A02-9-206(서열번호 271), URLC10-A02-9-212(서열번호 272) 및 URLC10-A02-10-211(서열번호 288)이 강력한 IFN-감마 생성을 보여주는 것을 차례로 증명한 것을 나타낸다. "d를 이어서" 상기 확립된 CTL 클론은 전장 URLC10 유전자 및 HLA-A02 분자로 형질도입된 COS7, HEK293 및 293T에 대하여 높은 특이적 CTL 활성을 보였다. 또한, HLA-A02를 제외한 전장 URLC10로 형질도입된 COS7, HEK293 또는 293T 및, HLA-A02로 형질도입되고 URLC10-10-64로 펄스된 COS7, HEK293 또는 293T를 음성 대조군으로 제조하였다.

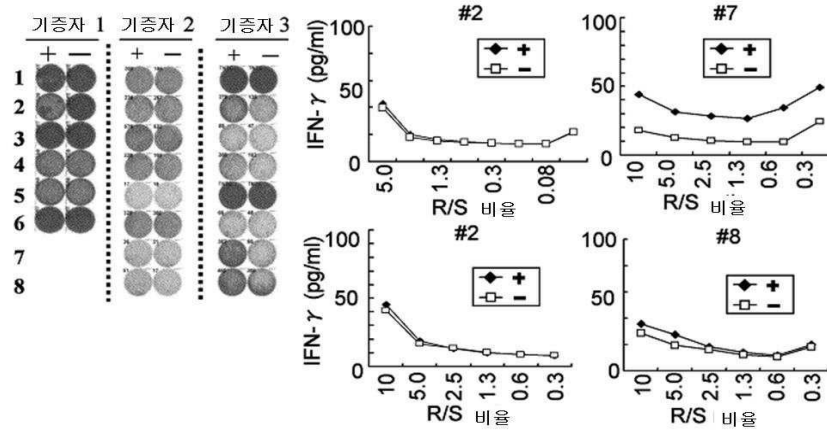
[0281]

여기서, "+"은 펩티드로 펄스된 표적, "-"은 펩티드로 펄스되지 않은 표적, "R"은 응답 세포(Responder), "S"는 자극 세포(Stimulator), "E"는 작용 세포(Effector), 및 "T"는 표적 세포를 의미한다.

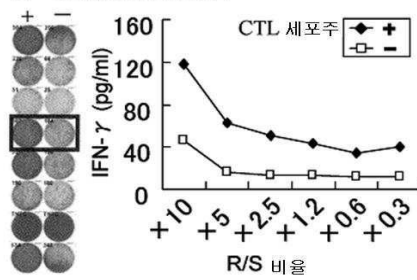
도면

도면1a

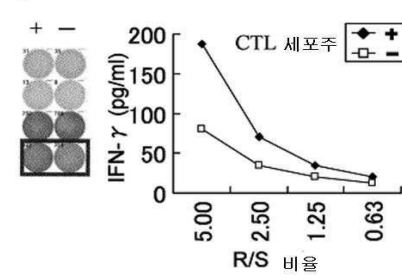
a CDH3-A24-10-248



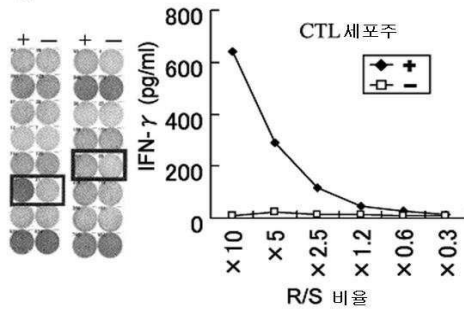
b CDH3-A24-10-332



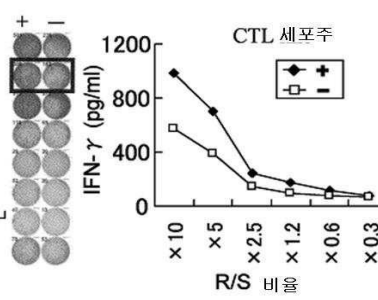
c CDH3-A24-10-470



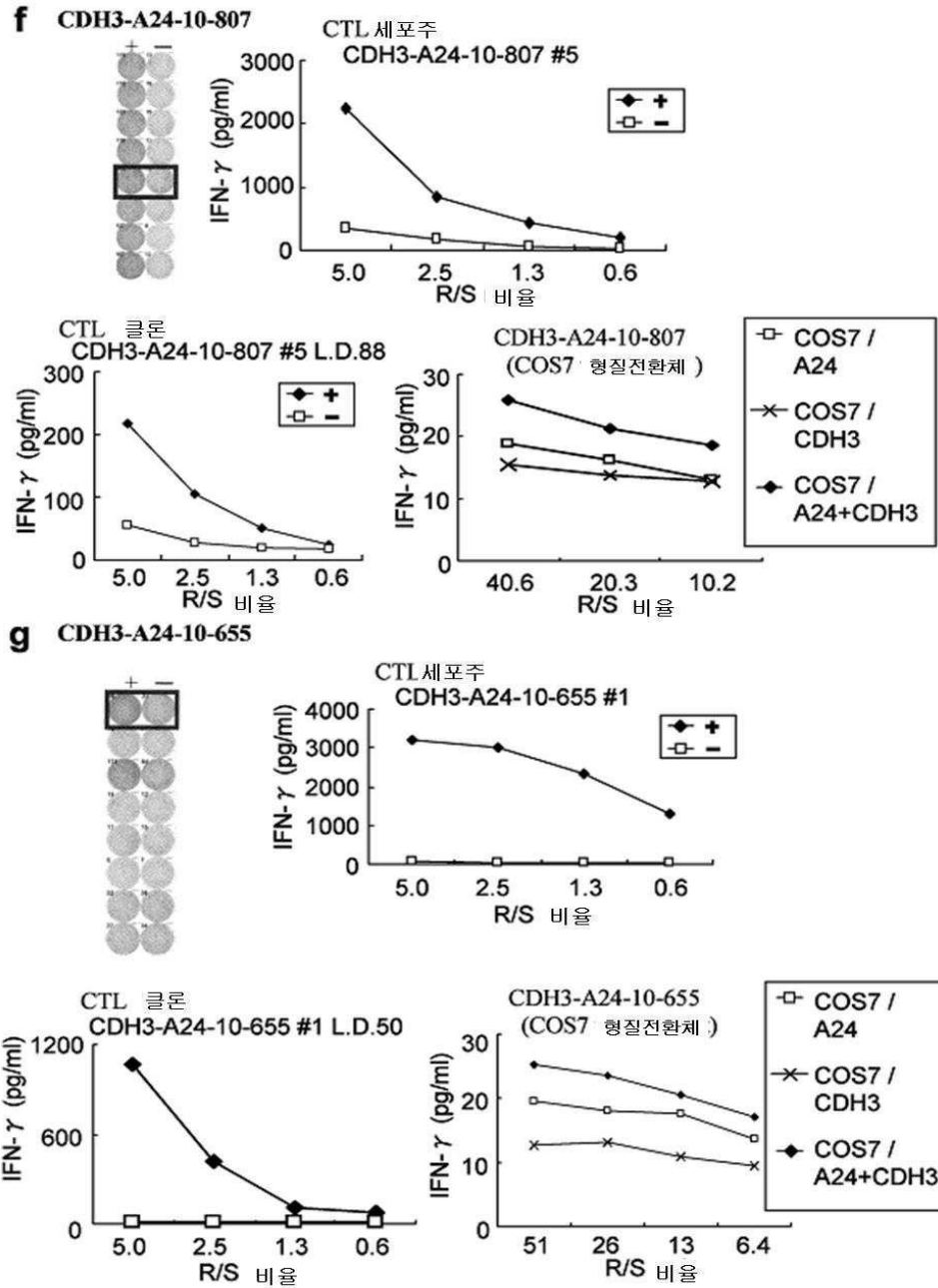
d CDH3-A24-9-513



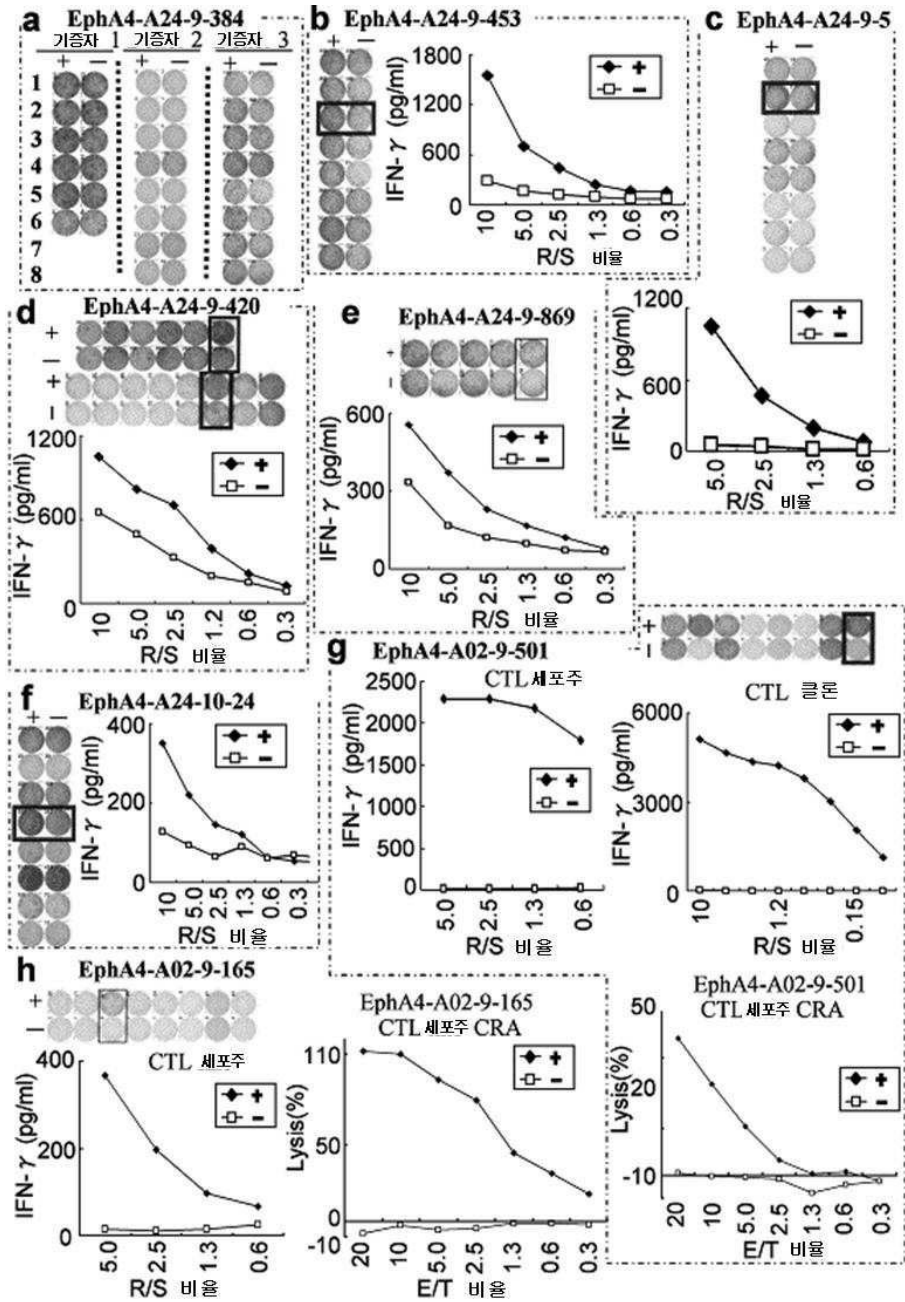
e CDH3-A24-9-406



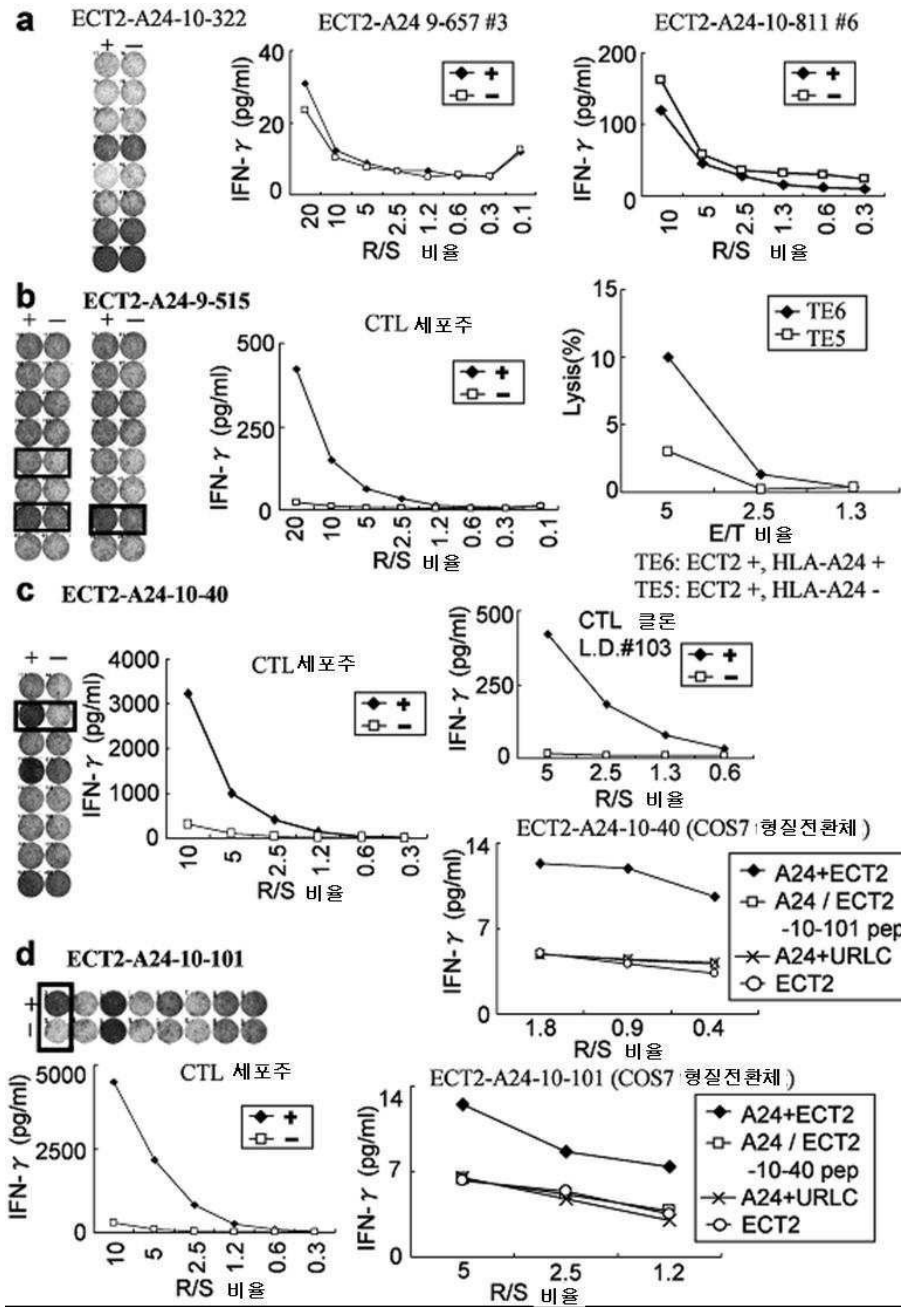
도면1b



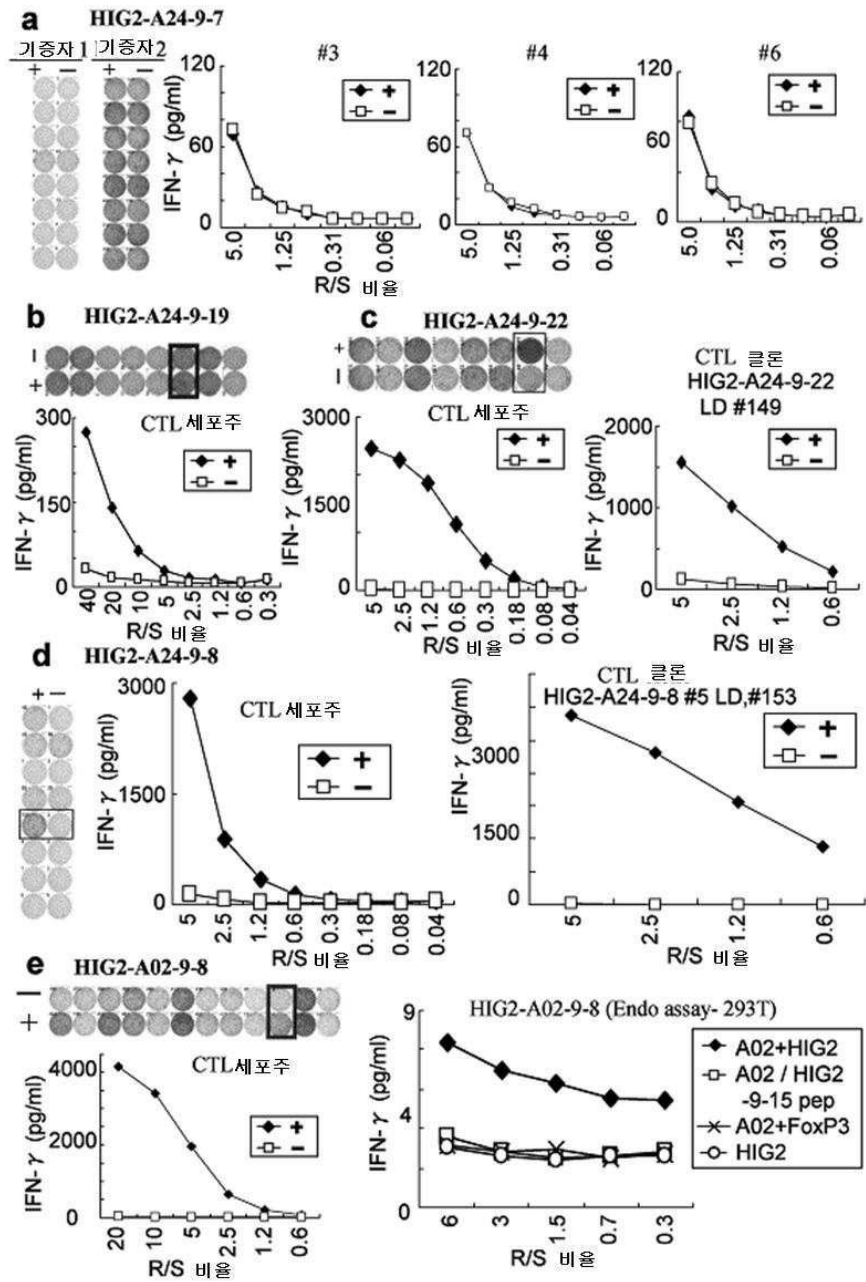
도면2



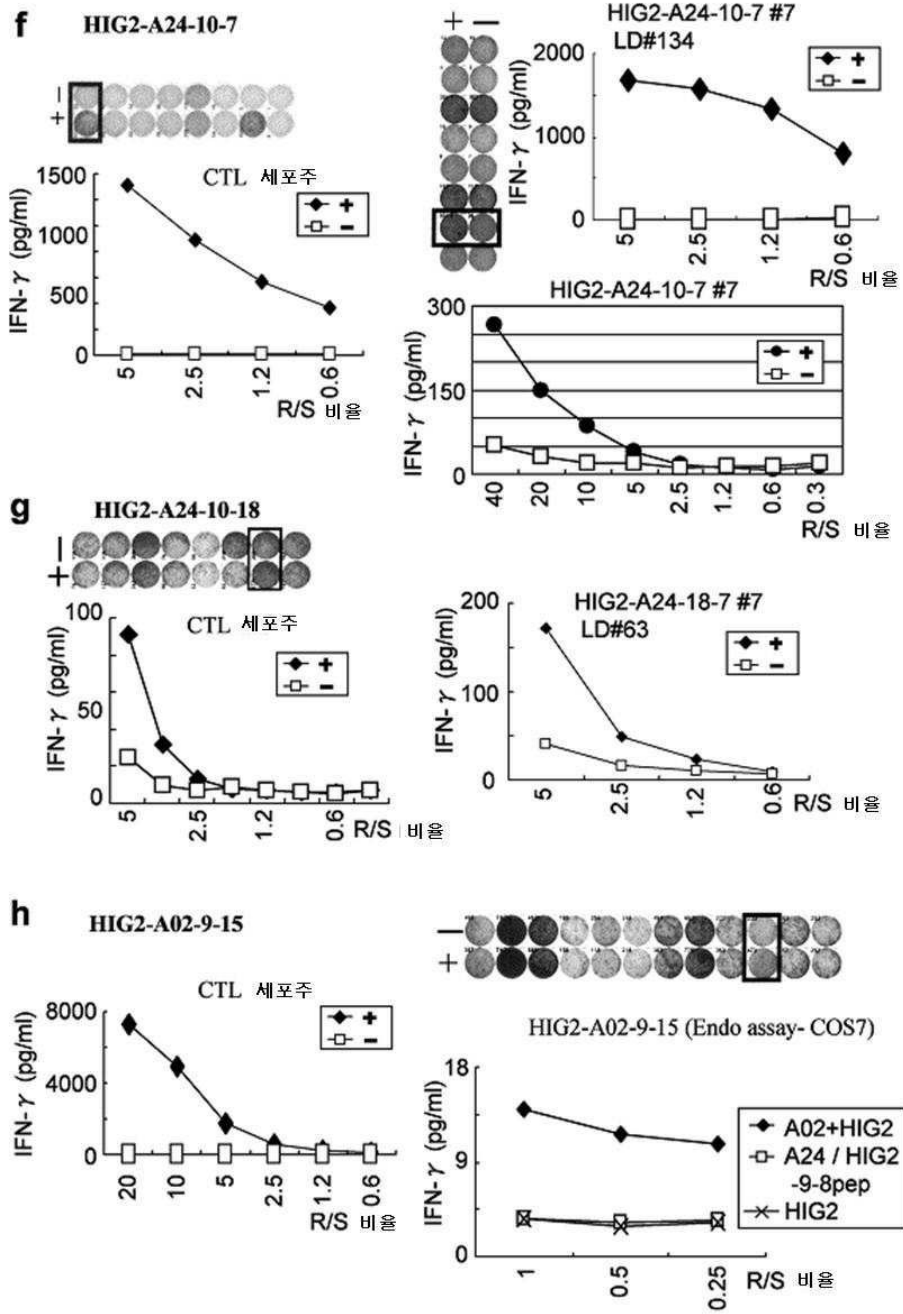
도면3



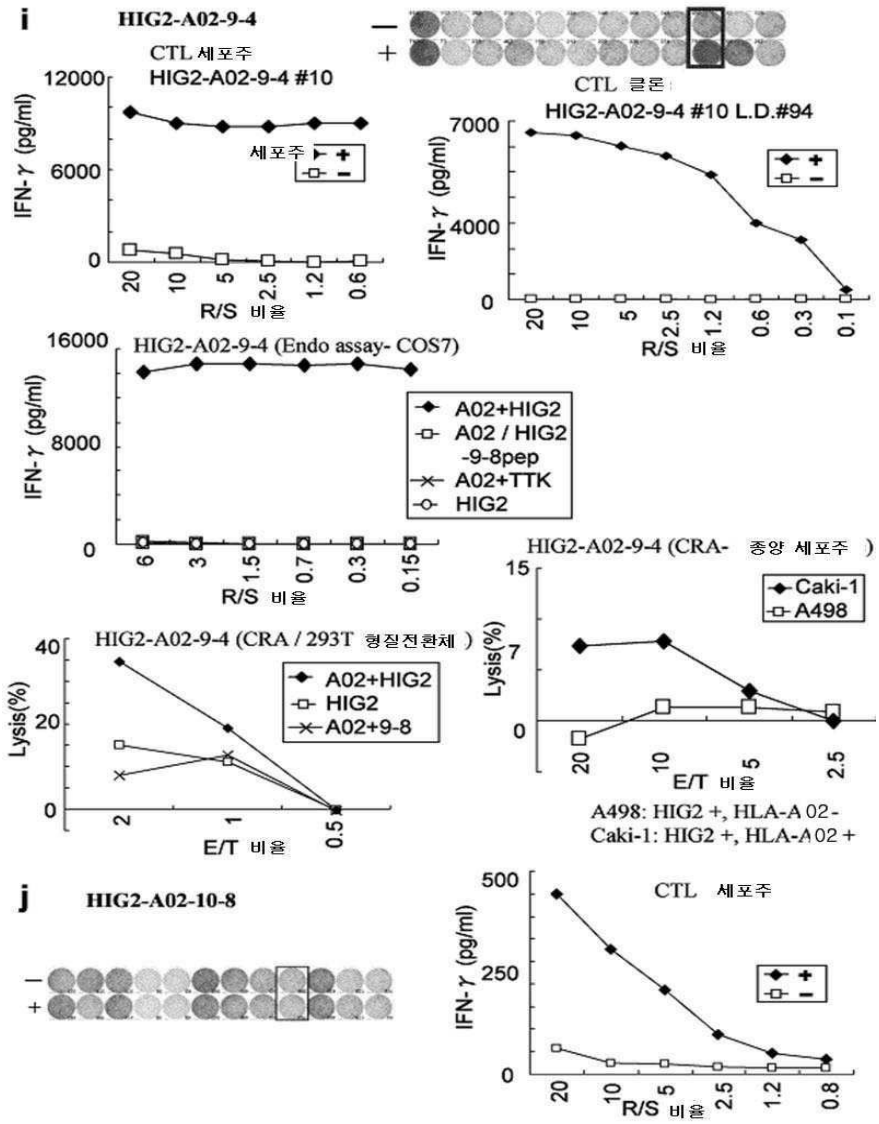
도면4a



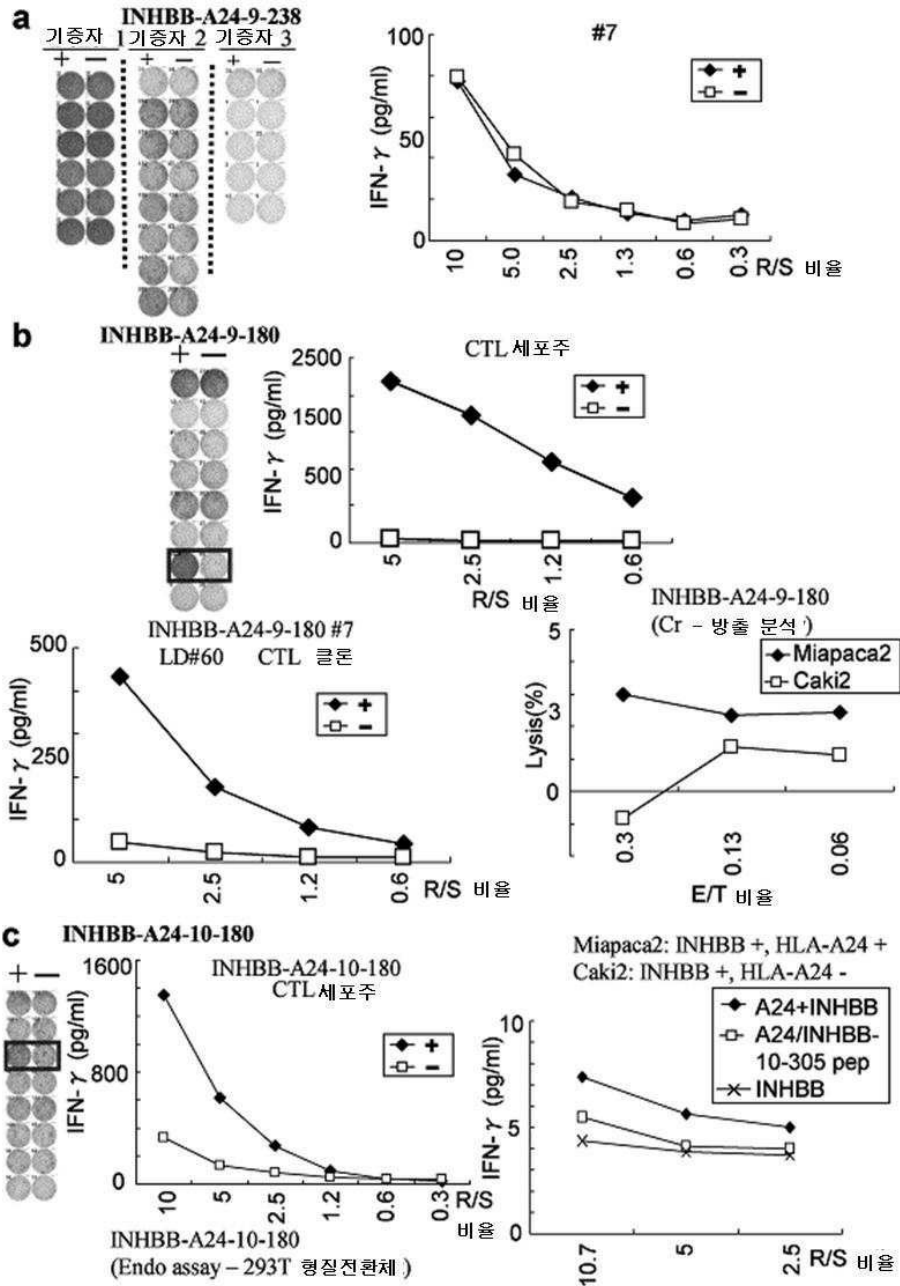
도면4b



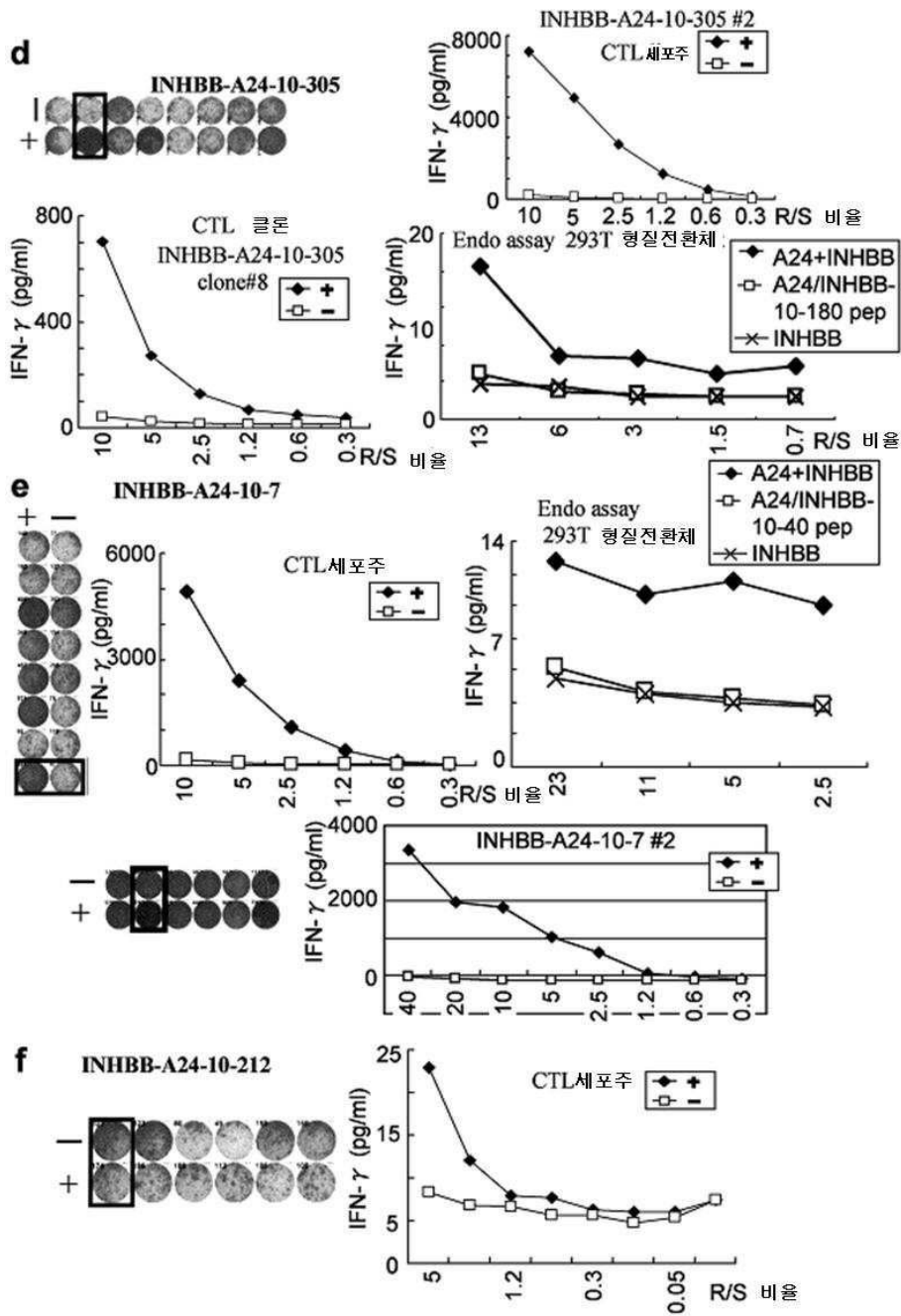
도면4c



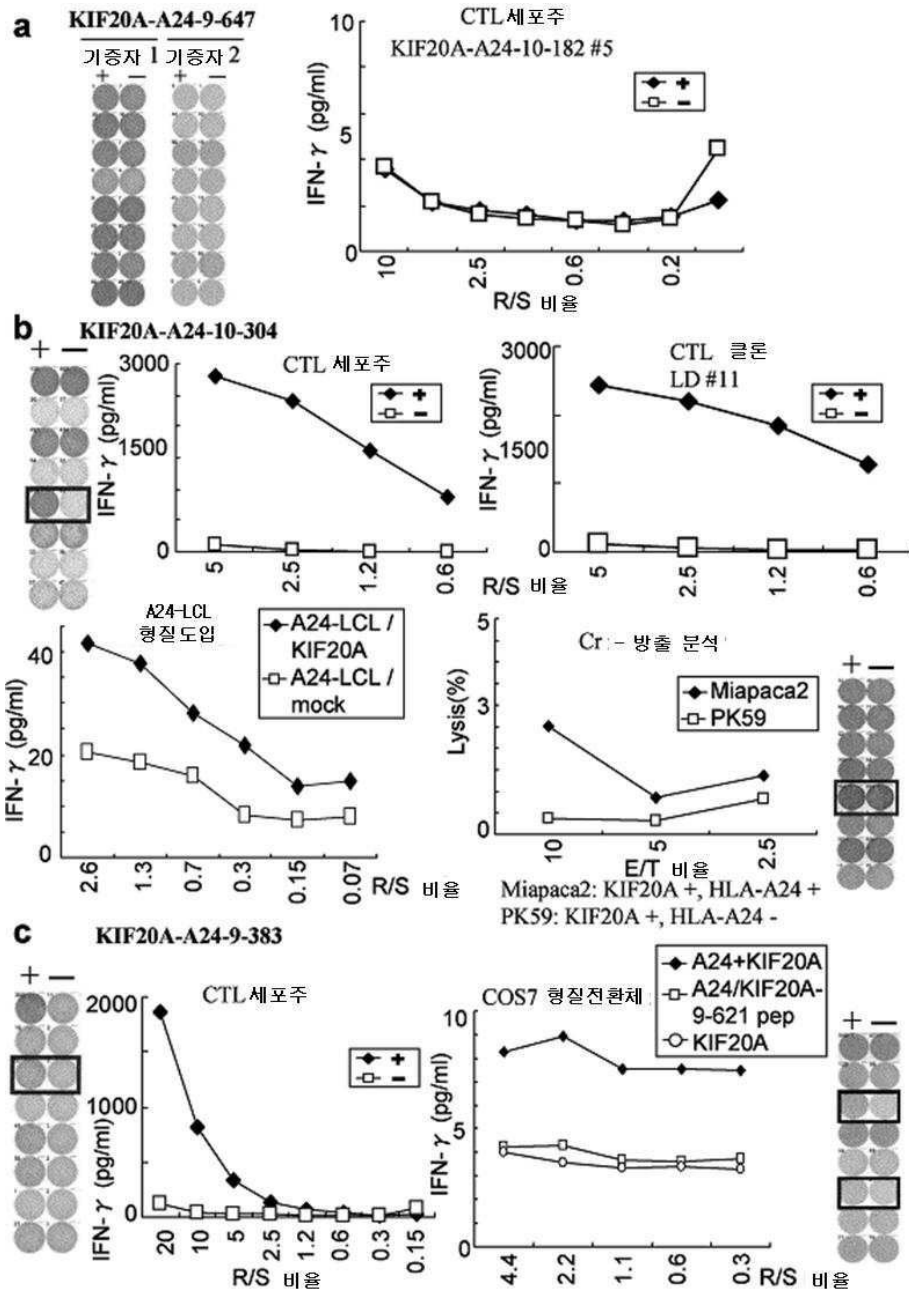
도면5a



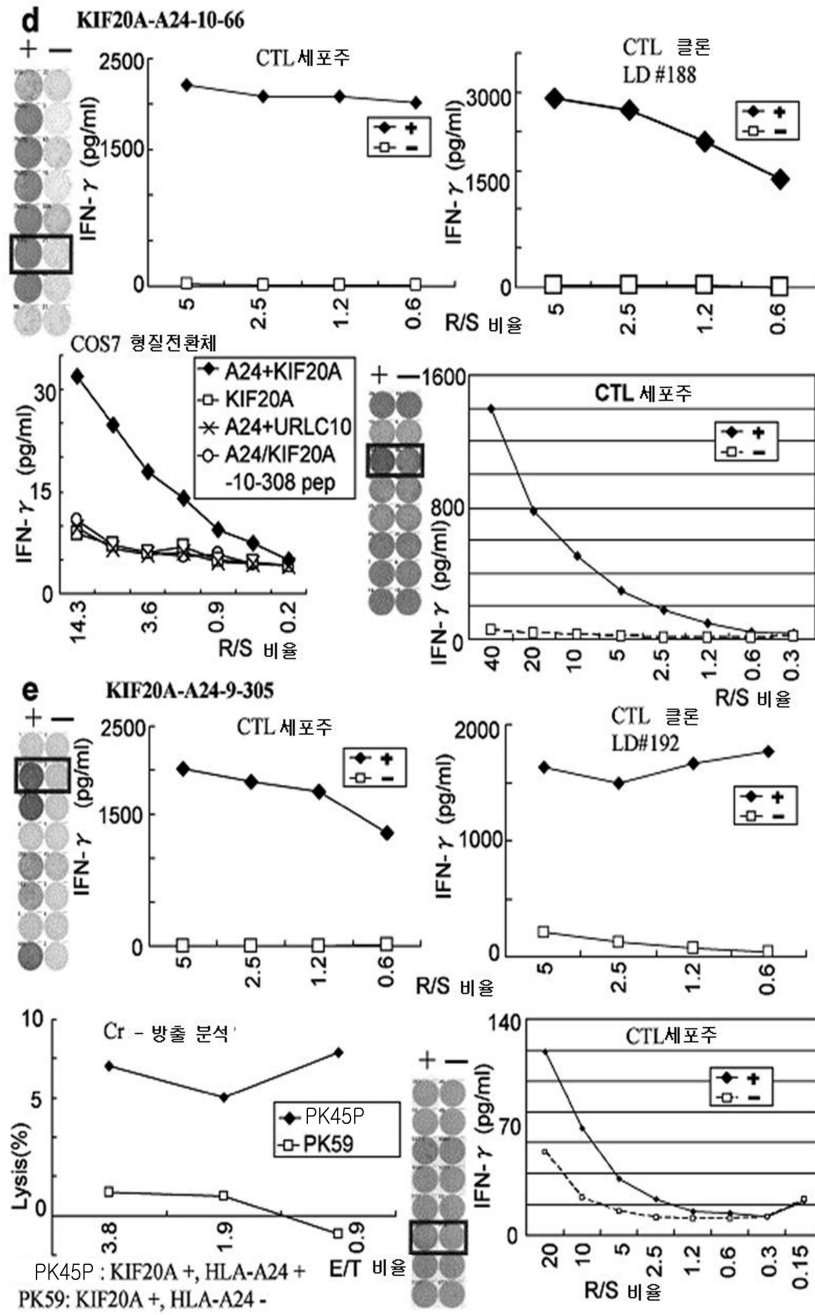
도면5b



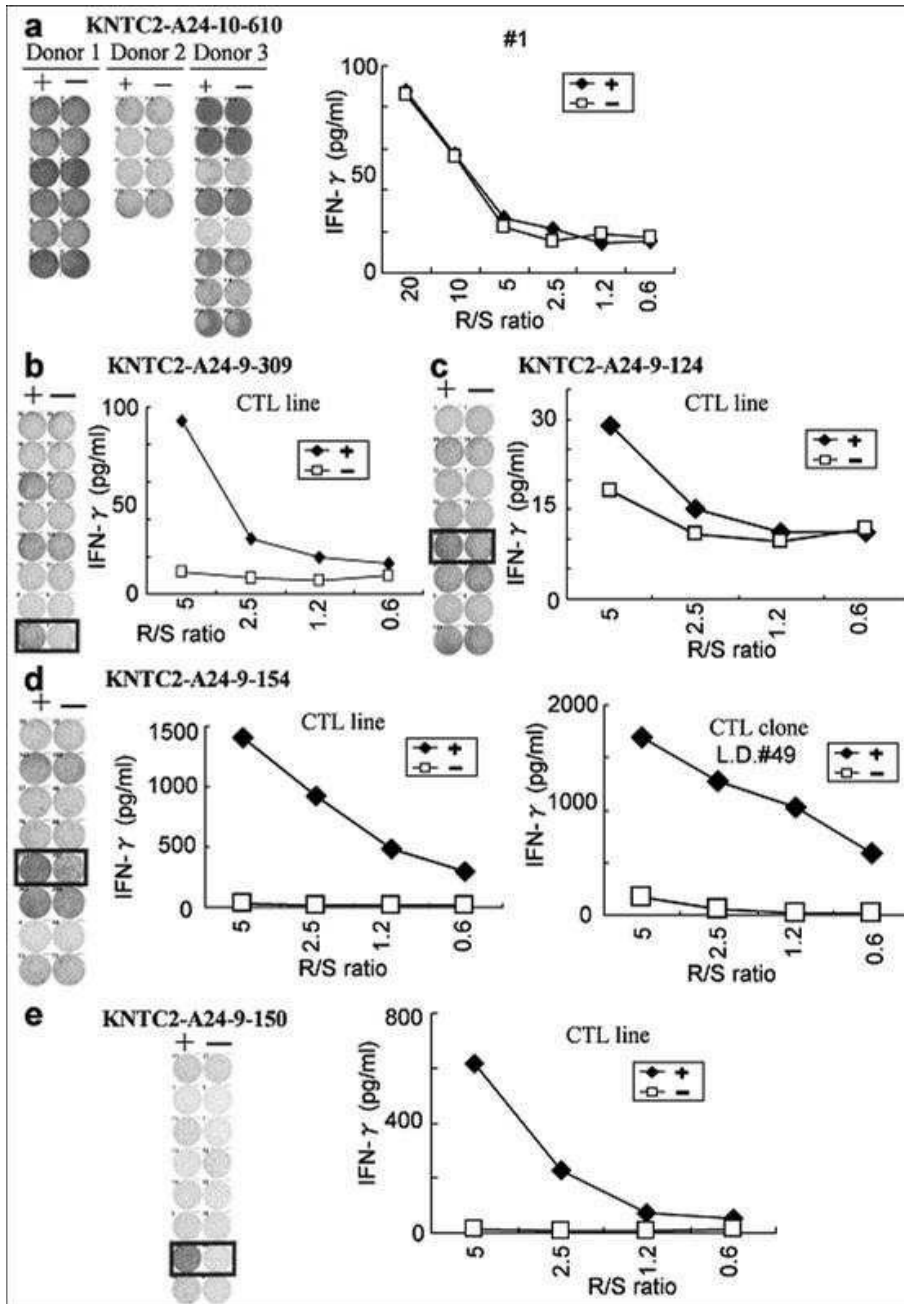
도면6a



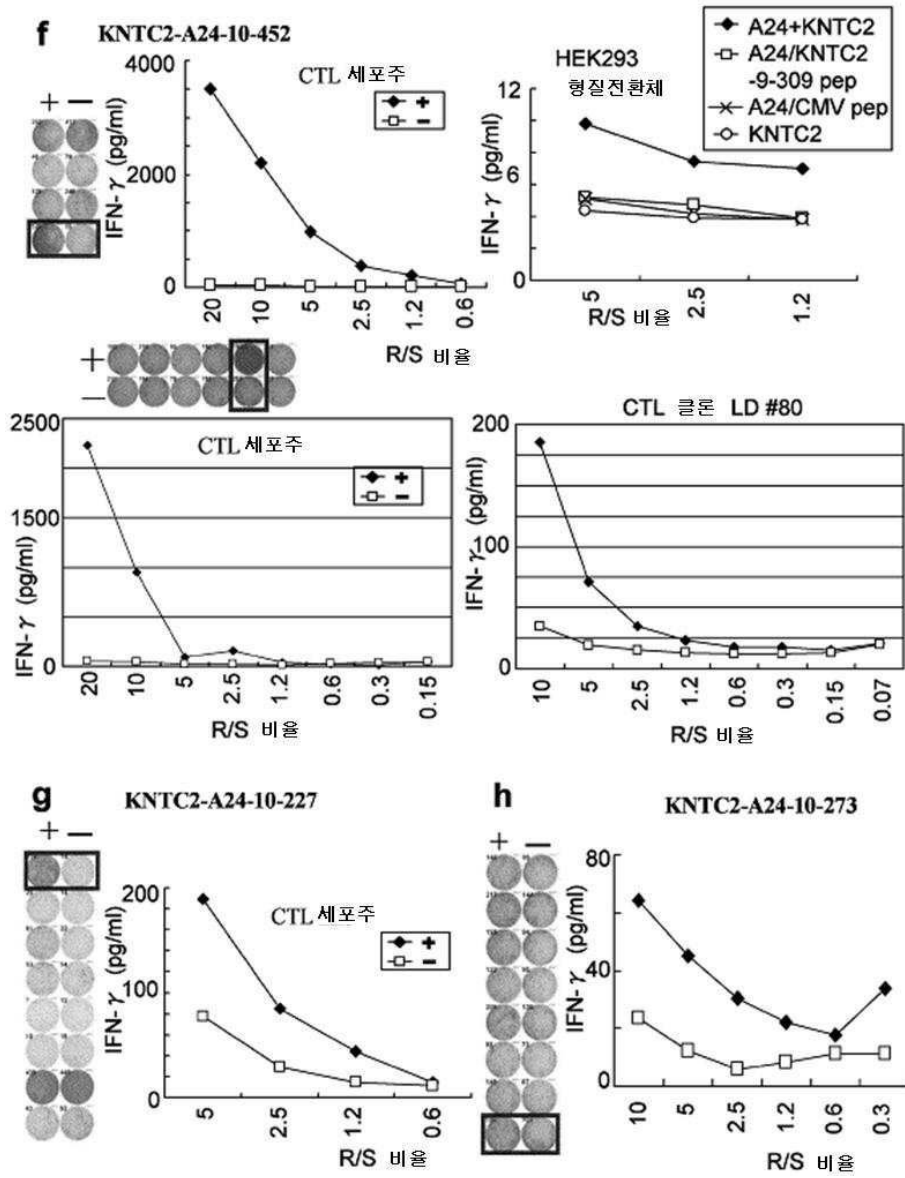
도면6b



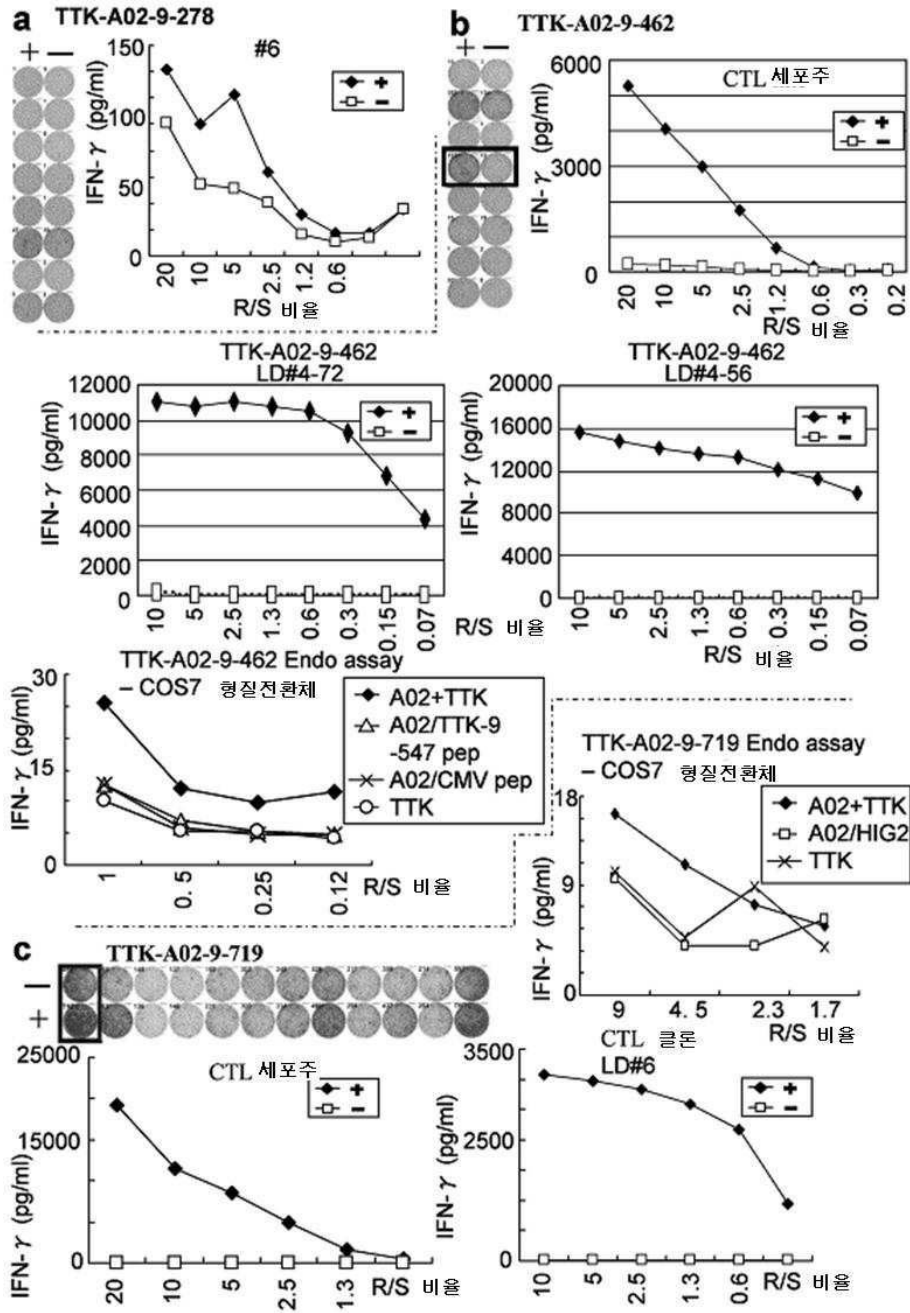
도면7a



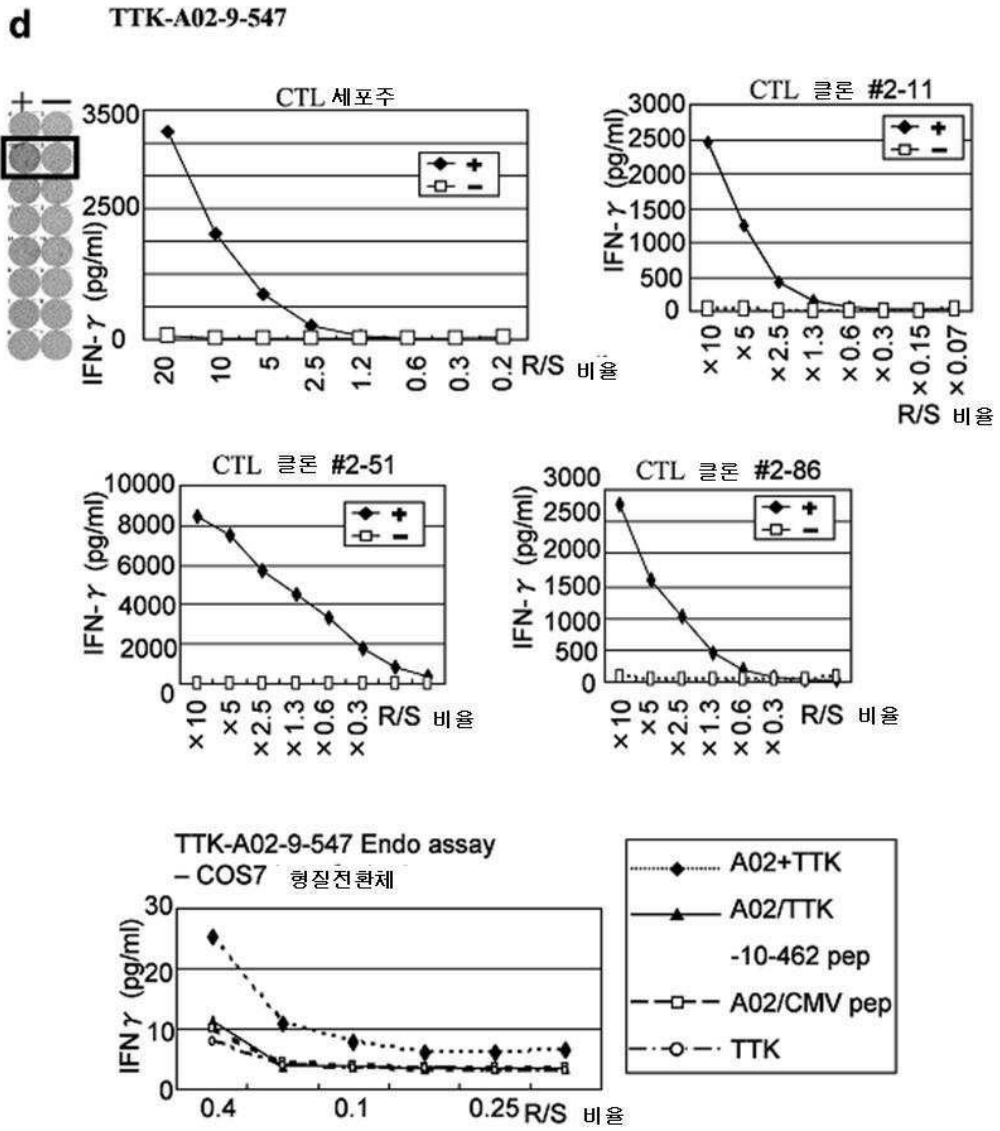
도면7b



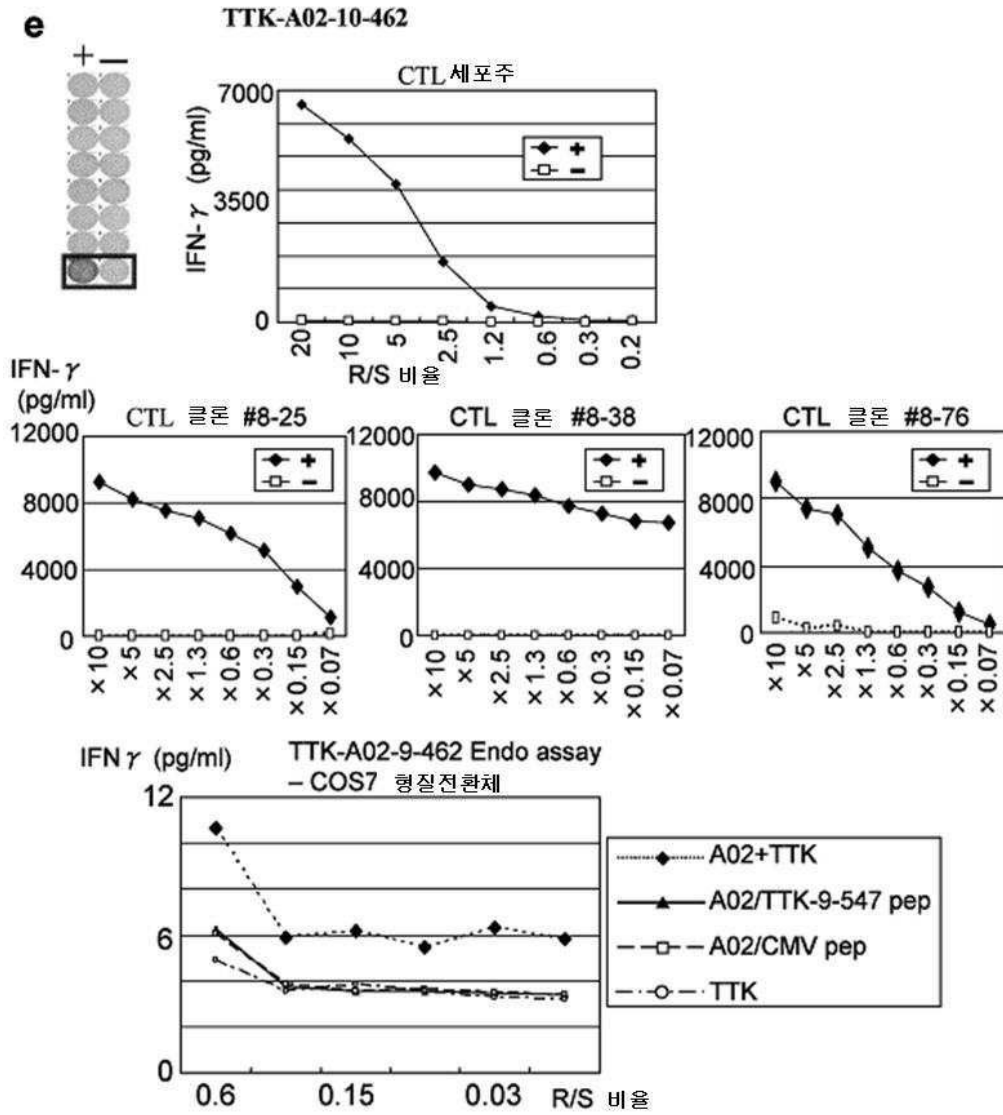
도면8a



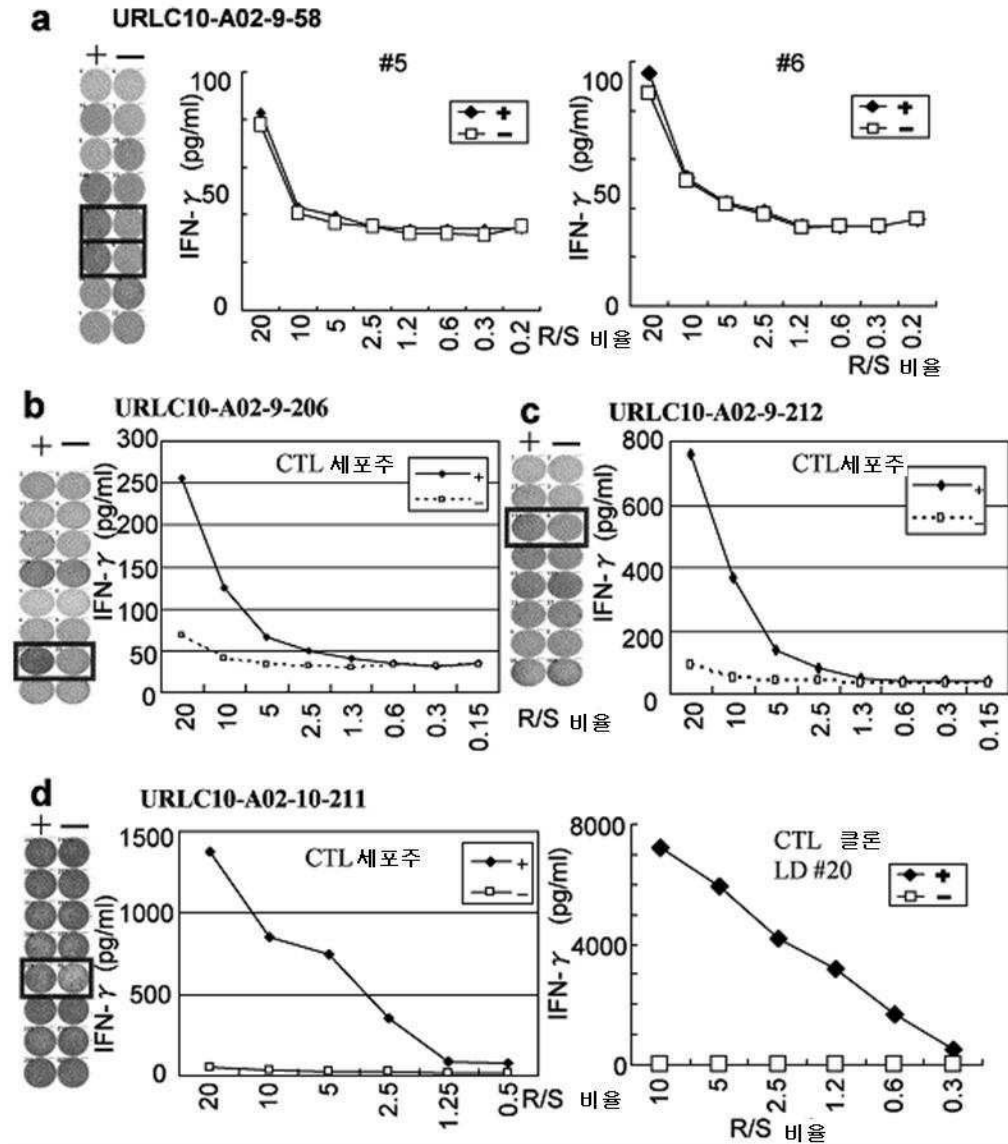
도면8b



도면8c

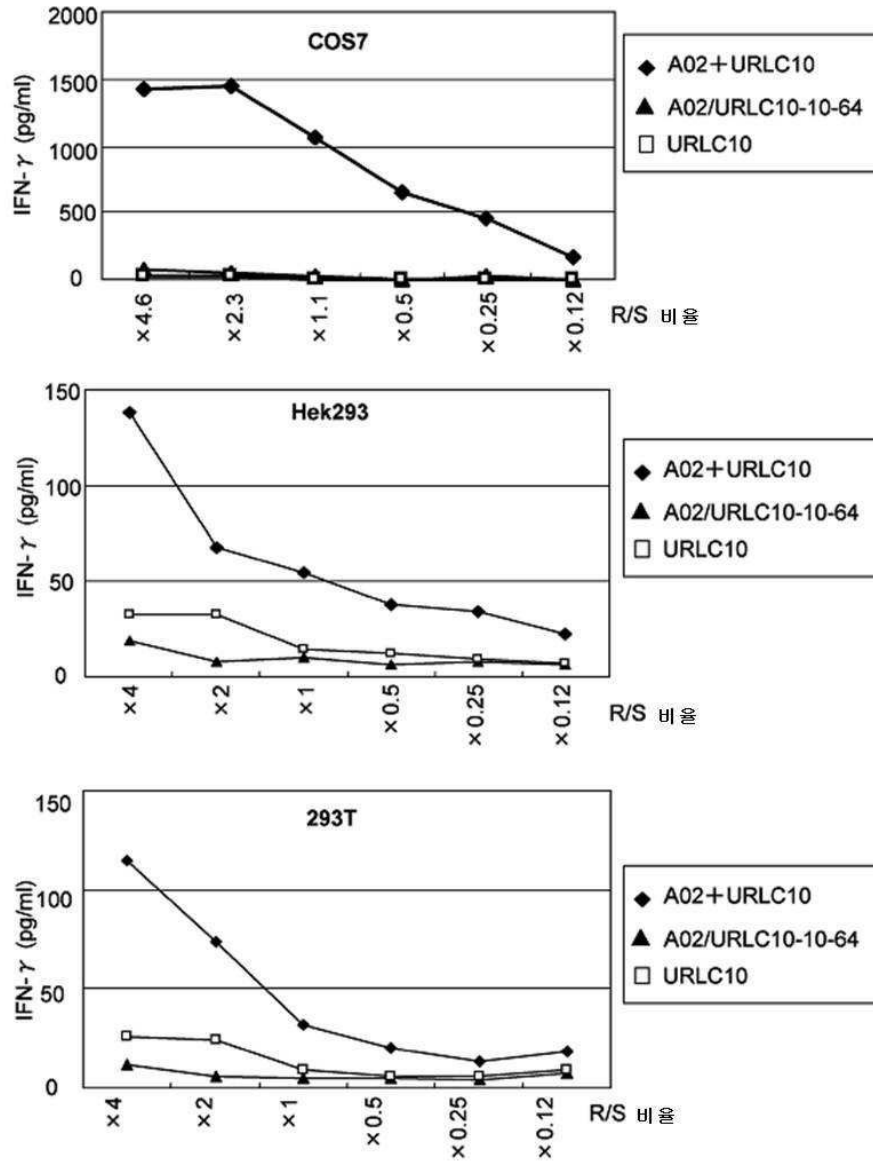


도면9a



도면9b

d에 이어서
HLA-A02와 함께 URLC10을 내재적으로 발현하는 표적 세포를 인지하는 UCLA10-A02-10-211로 자극된 CTL 세포주



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> ONCOTHERAPY SCIENCE, INC

<120> PEPTIDE VACCINES FOR CANCERS EXPRESSING TUMOR-ASSOCIATED ANTIGENS

<130> 9fpi-08-04

<150> US 60/902,949

<151> 2007-02-21

<160> 434

<170> PatentIn version 3.4

<210> 1

<211> 3649

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (508)..(2997)

<400> 1

cccgcctgtag ccgcgtgtgg gaggacgcac gggcctgctt caaagctttg ggataacagc 60

gcctccgggg gataatgaat gcggagcctc cgttttcagt cgacttcaga tgtgtctcca 120

cttttttccg ctgtagccgc aaggcaagga aacatttctc ttcccgtact gaggaggctg 180

aggagtgcac tgggtgttct tttctcctct aaccagaac tgcgagacag aggctgagtc 240

cctgtaaaga acagctccag aaaagccagg agagcgcagg agggcatccg ggaggccagg 300

aggggttcgc tggggcctca accgcacca catcggtccc acctgcgagg gggcgggacc 360

tcgtggcgt ggaccaatca gcacccacct gcgtcacct ggctcctcc cgtggctcc 420

cgggggctgc ggtgctcaa ggggcaagag ctgagcggaa caccggccc cgtcgcggc 480

agctgcttca cccctctctc tgcagcc atg ggg ctc cct cgt gga cct ctc gcg 534

Met Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala

1 5

tct ctc ctc ctt ctc cag gtt tgc tgg ctg cag tgc gcg gcc tcc gag 582

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

10	15	20	25	
ccg tgc cgg gcg gtc ttc agg gag gct gaa gtg acc ttg gag gcg gga				630
Pro Cys Arg Ala Val Phe Arg Glu Ala Glu Val Thr Leu Glu Ala Gly				
	30	35	40	
ggc gcg gag cag gag ccc ggc cag gcg ctg ggg aaa gta ttc atg ggc				678
Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly Gln Ala Leu Gly Lys Val Phe Met Gly				
	45	50	55	
tgc cct ggg caa gag cca gct ctg ttt agc act gat aat gat gac ttc				726
Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe				
	60	65	70	
act gtg cgg aat ggc gag aca gtc cag gaa aga agg tca ctg aag gaa				774
Thr Val Arg Asn Gly Glu Thr Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu Lys Glu				
	75	80	85	
agg aat cca ttg aag atc ttc cca tcc aaa cgt atc tta cga aga cac				822
Arg Asn Pro Leu Lys Ile Phe Pro Ser Lys Arg Ile Leu Arg Arg His				
90	95	100	105	
aag aga gat tgg gtg gtt gct cca ata tct gtc cct gaa aat ggc aag				870
Lys Arg Asp Trp Val Val Ala Pro Ile Ser Val Pro Glu Asn Gly Lys				
	110	115	120	
ggc ccc ttc ccc cag aga ctg aat cag ctc aag tct aat aaa gat aga				918
Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu Asn Gln Leu Lys Ser Asn Lys Asp Arg				
	125	130	135	
gac acc aag att ttc tac agc atc acg ggg ccg ggg gca gac agc ccc				966
Asp Thr Lys Ile Phe Tyr Ser Ile Thr Gly Pro Gly Ala Asp Ser Pro				
	140	145	150	
cct gag ggt gtc ttc gct gta gag aag gag aca ggc tgg ttg ttg ttg				1014
Pro Glu Gly Val Phe Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu Leu				
	155	160	165	
aat aag cca ctg gac cgg gag gag att gcc aag tat gag ctc ttt ggc				1062
Asn Lys Pro Leu Asp Arg Glu Glu Ile Ala Lys Tyr Glu Leu Phe Gly				
170	175	180	185	
cac gct gtg tca gag aat ggt gcc tca gtg gag gac ccc atg aac atc				1110
His Ala Val Ser Glu Asn Gly Ala Ser Val Glu Asp Pro Met Asn Ile				

190	195	200	
tcc atc atc gtg acc gac cag aat gac cac aag ccc aag ttt acc cag			1158
Ser Ile Ile Val Thr Asp Gln Asn Asp His Lys Pro Lys Phe Thr Gln			
205	210	215	
gac acc ttc cga ggg agt gtc tta gag gga gtc cta cca ggt act tct			1206
Asp Thr Phe Arg Gly Ser Val Leu Glu Gly Val Leu Pro Gly Thr Ser			
220	225	230	
gtg atg cag gtg aca gcc acg gat gag gat gat gcc atc tac acc tac			1254
Val Met Gln Val Thr Ala Thr Asp Glu Asp Asp Ala Ile Tyr Thr Tyr			
235	240	245	
aat ggg gtg gtt gct tac tcc atc cat agc caa gaa cca aag gac cca			1302
Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser Ile His Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro			
250	255	260	265
cac gac ctc atg ttc acc att cac cgg agc aca ggc acc atc agc gtc			1350
His Asp Leu Met Phe Thr Ile His Arg Ser Thr Gly Thr Ile Ser Val			
270	275	280	
atc tcc agt ggc ctg gac cgg gaa aaa gtc cct gag tac aca ctg acc			1398
Ile Ser Ser Gly Leu Asp Arg Glu Lys Val Pro Glu Tyr Thr Leu Thr			
285	290	295	
atc cag gcc aca gac atg gat ggg gac ggc tcc acc acc acg gca gtg			1446
Ile Gln Ala Thr Asp Met Asp Gly Asp Gly Ser Thr Thr Thr Ala Val			
300	305	310	
gca gta gtg gag atc ctt gat gcc aat gac aat gct ccc atg ttt gac			1494
Ala Val Val Glu Ile Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro Met Phe Asp			
315	320	325	
ccc cag aag tac gag gcc cat gtg cct gag aat gca gtg ggc cat gag			1542
Pro Gln Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn Ala Val Gly His Glu			
330	335	340	345
gtg cag agg ctg acg gtc act gat ctg gac gcc ccc aac tca cca gcg			1590
Val Gln Arg Leu Thr Val Thr Asp Leu Asp Ala Pro Asn Ser Pro Ala			
350	355	360	
tgg cgt gcc acc tac ctt atc atg ggc ggt gac gac ggg gac cat ttt			1638
Trp Arg Ala Thr Tyr Leu Ile Met Gly Gly Asp Asp Gly Asp His Phe			

365	370	375	
acc atc acc acc cac cct gag agc aac cag ggc atc ctg aca acc agg			1686
Thr Ile Thr Thr His Pro Glu Ser Asn Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg			
380	385	390	
aag ggt ttg gat ttt gag gcc aaa aac cag cac acc ctg tac gtt gaa			1734
Lys Gly Leu Asp Phe Glu Ala Lys Asn Gln His Thr Leu Tyr Val Glu			
395	400	405	
gtg acc aac gag gcc cct ttt gtg ctg aag ctc cca acc tcc aca gcc			1782
Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu Lys Leu Pro Thr Ser Thr Ala			
410	415	420	425
acc ata gtg gtc cac gtg gag gat gtg aat gag gca cct gtg ttt gtc			1830
Thr Ile Val Val His Val Glu Asp Val Asn Glu Ala Pro Val Phe Val			
430	435	440	
cca ccc tcc aaa gtc gtt gag gtc cag gag ggc atc ccc act ggg gag			1878
Pro Pro Ser Lys Val Val Glu Val Gln Glu Gly Ile Pro Thr Gly Glu			
445	450	455	
cct gtg tgt gtc tac act gca gaa gac cct gac aag gag aat caa aag			1926
Pro Val Cys Val Tyr Thr Ala Glu Asp Pro Asp Lys Glu Asn Gln Lys			
460	465	470	
atc agc tac cgc atc ctg aga gac cca gca ggg tgg cta gcc atg gac			1974
Ile Ser Tyr Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala Gly Trp Leu Ala Met Asp			
475	480	485	
cca gac agt ggg cag gtc aca gct gtg ggc acc ctc gac cgt gag gat			2022
Pro Asp Ser Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu Asp Arg Glu Asp			
490	495	500	505
gag cag ttt gtg agg aac aac atc tat gaa gtc atg gtc ttg gcc atg			2070
Glu Gln Phe Val Arg Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met			
510	515	520	
gac aat gga agc cct ccc acc act ggc acg gga acc ctt ctg cta aca			2118
Asp Asn Gly Ser Pro Pro Thr Thr Gly Thr Gly Thr Leu Leu Leu Thr			
525	530	535	
ctg att gat gtc aat gac cat ggc cca gtc cct gag ccc cgt cag atc			2166
Leu Ile Asp Val Asn Asp His Gly Pro Val Pro Glu Pro Arg Gln Ile			

540	545	550	
acc atc tgc aac caa agc cct gtg cgc cag gtg ctg aac atc acg gac			2214
Thr Ile Cys Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp			
555	560	565	
aag gac ctg tct ccc cac acc tcc cct ttc cag gcc cag ctc aca gat			2262
Lys Asp Leu Ser Pro His Thr Ser Pro Phe Gln Ala Gln Leu Thr Asp			
570	575	580	585
gac tca gac atc tac tgg acg gca gag gtc aac gag gaa ggt gac aca			2310
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Thr Ala Glu Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr			
590	595	600	
gtg gtc ttg tcc ctg aag aag ttc ctg aag cag gat aca tat gac gtg			2358
Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val			
605	610	615	
cac ctt tct ctg tct gac cat ggc aac aaa gag cag ctg acg gtg atc			2406
His Leu Ser Leu Ser Asp His Gly Asn Lys Glu Gln Leu Thr Val Ile			
620	625	630	
agg gcc act gtg tgc gac tgc cat ggc cat gtc gaa acc tgc cct gga			2454
Arg Ala Thr Val Cys Asp Cys His Gly His Val Glu Thr Cys Pro Gly			
635	640	645	
ccc tgg aag gga ggt ttc atc ctc cct gtg ctg ggg gct gtc ctg gct			2502
Pro Trp Lys Gly Gly Phe Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala			
650	655	660	665
ctg ctg ttc ctc ctg ctg gtg ctg ctt ttg ttg gtg aga aag aag cgg			2550
Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu Val Arg Lys Lys Arg			
670	675	680	
aag atc aag gag ccc ctc cta ctc cca gaa gat gac acc cgt gac aac			2598
Lys Ile Lys Glu Pro Leu Leu Leu Pro Glu Asp Asp Thr Arg Asp Asn			
685	690	695	
gtc ttc tac tat ggc gaa gag ggg ggt ggc gaa gag gac cag gac tat			2646
Val Phe Tyr Tyr Gly Glu Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Gln Asp Tyr			
700	705	710	
gac atc acc cag ctc cac cga ggt ctg gag gcc agg ccg gag gtg gtt			2694
Asp Ile Thr Gln Leu His Arg Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val			

715	720	725	
ctc cgc aat gac gtg gca cca acc atc atc ccg aca ccc atg tac cgt 2742			
Leu Arg Asn Asp Val Ala Pro Thr Ile Ile Pro Thr Pro Met Tyr Arg			
730	735	740	745
cct cgg cca gcc aac cca gat gaa atc ggc aac ttt ata att gag aac 2790			
Pro Arg Pro Ala Asn Pro Asp Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn			
	750	755	760
ctg aag gcg gct aac aca gac ccc aca gcc ccg ccc tac gac acc ctc 2838			
Leu Lys Ala Ala Asn Thr Asp Pro Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu			
	765	770	775
ttg gtg ttc gac tat gag ggc agc ggc tcc gac gcc gcg tcc ctg agc 2886			
Leu Val Phe Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala Ala Ser Leu Ser			
	780	785	790
tcc ctc acc tcc tcc gcc tcc gac caa gac caa gat tac gat tat ctg 2934			
Ser Leu Thr Ser Ser Ala Ser Asp Gln Asp Gln Asp Tyr Asp Tyr Leu			
	795	800	805
aac gag tgg ggc agc cgc ttc aag aag ctg gca gac atg tac ggt ggc 2982			
Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe Lys Lys Leu Ala Asp Met Tyr Gly Gly			
810	815	820	825
ggg gag gac gac tag gcggcctgcc tgcagggtg gggaccaaac gtcaggccac 3037			
Gly Glu Asp Asp			
agagcatctc caaggggtct cagtcccc ttcagctgag gacttcggag cttgtcagga 3097			
agtggccgta gcaacttggc ggagacaggc tatgagtctg acgtagagt ggtggcttcc 3157			
ttagccttc aggatggagg aatgtggca gtttgacttc agcactgaaa acctctccac 3217			
ctgggccagg gttgcctcag aggccaagtt tccagaagcc tcttacctgc cgtaaaatgc 3277			
tcaacctgt gtctgggcc tggcctgct gtgactgacc tacagtgac tttctctctg 3337			
gaatggaacc ttcttaggcc tctgggtgca acttaatttt ttttttaat gctatctca 3397			

aaacgttaga gaaagttctt caaaagtgca gcccagagct gctgggccca ctggccgtcc 3457
 tgcatttctg gtticcagac cccaatgcct cccattcgga tggatctctg cgtttttata 3517
 ctgagtgtgc ctaggttgcc ccttattttt tattttccct gttgcgttgc tatagatgaa 3577
 gggtagaggac aatcgtgtat atgtactaga acttttttat taaagaaact tttcccagaa 3637
 aaaaaaaaaa aa 3649

<210> 2
 <211> 829
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 2

Met Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu Gln Val
 1 5 10 15

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

Glu Ala Glu Val Thr Leu Glu Ala Gly Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly
 35 40 45

Gln Ala Leu Gly Lys Val Phe Met Gly Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala
 50 55 60

Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe Thr Val Arg Asn Gly Glu Thr
 65 70 75 80

Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu Lys Glu Arg Asn Pro Leu Lys Ile Phe
 85 90 95

Pro Ser Lys Arg Ile Leu Arg Arg His Lys Arg Asp Trp Val Val Ala
 100 105 110

Pro Ile Ser Val Pro Glu Asn Gly Lys Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu
 115 120 125

Asn Gln Leu Lys Ser Asn Lys Asp Arg Asp Thr Lys Ile Phe Tyr Ser
 130 135 140

Ile Thr Gly Pro Gly Ala Asp Ser Pro Pro Glu Gly Val Phe Ala Val
 145 150 155 160

Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu Leu Asn Lys Pro Leu Asp Arg Glu
 165 170 175

Glu Ile Ala Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val Ser Glu Asn Gly
 180 185 190

Ala Ser Val Glu Asp Pro Met Asn Ile Ser Ile Ile Val Thr Asp Gln
 195 200 205

Asn Asp His Lys Pro Lys Phe Thr Gln Asp Thr Phe Arg Gly Ser Val
 210 215 220

Leu Glu Gly Val Leu Pro Gly Thr Ser Val Met Gln Val Thr Ala Thr
 225 230 235 240

Asp Glu Asp Asp Ala Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser
 245 250 255

Ile His Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro His Asp Leu Met Phe Thr Ile
 260 265 270

His Arg Ser Thr Gly Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu Asp Arg
 275 280 285

Glu Lys Val Pro Glu Tyr Thr Leu Thr Ile Gln Ala Thr Asp Met Asp
 290 295 300

Gly Asp Gly Ser Thr Thr Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu Asp
305 310 315 320

Ala Asn Asp Asn Ala Pro Met Phe Asp Pro Gln Lys Tyr Glu Ala His
325 330 335

Val Pro Glu Asn Ala Val Gly His Glu Val Gln Arg Leu Thr Val Thr
340 345 350

Asp Leu Asp Ala Pro Asn Ser Pro Ala Trp Arg Ala Thr Tyr Leu Ile
355 360 365

Met Gly Gly Asp Asp Gly Asp His Phe Thr Ile Thr Thr His Pro Glu
370 375 380

Ser Asn Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu Asp Phe Glu Ala
385 390 395 400

Lys Asn Gln His Thr Leu Tyr Val Glu Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe
405 410 415

Val Leu Lys Leu Pro Thr Ser Thr Ala Thr Ile Val Val His Val Glu
420 425 430

Asp Val Asn Glu Ala Pro Val Phe Val Pro Pro Ser Lys Val Val Glu
435 440 445

Val Gln Glu Gly Ile Pro Thr Gly Glu Pro Val Cys Val Tyr Thr Ala
450 455 460

Glu Asp Pro Asp Lys Glu Asn Gln Lys Ile Ser Tyr Arg Ile Leu Arg
465 470 475 480

Asp Pro Ala Gly Trp Leu Ala Met Asp Pro Asp Ser Gly Gln Val Thr
485 490 495

Ala Val Gly Thr Leu Asp Arg Glu Asp Glu Gln Phe Val Arg Asn Asn
 500 505 510

Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met Asp Asn Gly Ser Pro Pro Thr
 515 520 525

Thr Gly Thr Gly Thr Leu Leu Leu Thr Leu Ile Asp Val Asn Asp His
 530 535 540

Gly Pro Val Pro Glu Pro Arg Gln Ile Thr Ile Cys Asn Gln Ser Pro
 545 550 555 560

Val Arg Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu Ser Pro His Thr
 565 570 575

Ser Pro Phe Gln Ala Gln Leu Thr Asp Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Thr
 580 585 590

Ala Glu Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr Val Val Leu Ser Leu Lys Lys
 595 600 605

Phe Leu Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu Ser Asp His
 610 615 620

Gly Asn Lys Glu Gln Leu Thr Val Ile Arg Ala Thr Val Cys Asp Cys
 625 630 635 640

His Gly His Val Glu Thr Cys Pro Gly Pro Trp Lys Gly Gly Phe Ile
 645 650 655

Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val
 660 665 670

Leu Leu Leu Leu Val Arg Lys Lys Arg Lys Ile Lys Glu Pro Leu Leu
 675 680 685

Leu Pro Glu Asp Asp Thr Arg Asp Asn Val Phe Tyr Tyr Gly Glu Glu

690 695 700

 Gly Gly Gly Glu Glu Asp Gln Asp Tyr Asp Ile Thr Gln Leu His Arg
 705 710 715 720

 Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val Leu Arg Asn Asp Val Ala Pro
 725 730 735

 Thr Ile Ile Pro Thr Pro Met Tyr Arg Pro Arg Pro Ala Asn Pro Asp
 740 745 750

 Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu Lys Ala Ala Asn Thr Asp
 755 760 765

 Pro Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu Leu Val Phe Asp Tyr Glu Gly
 770 775 780

 Ser Gly Ser Asp Ala Ala Ser Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ser Ala Ser
 785 790 795 800

 Asp Gln Asp Gln Asp Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe
 805 810 815

 Lys Lys Leu Ala Asp Met Tyr Gly Gly Gly Glu Asp Asp
 820 825

 <210> 3
 <211> 3107
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

 <220>
 <221> CDS
 <222> (34)..(2994)

 <400> 3
 aagcggcagg agcagcgttg gcaccggcga acc atg gct ggg att ttc tat ttc
 Met Ala Gly Ile Phe Tyr Phe

1 5

gcc cta ttt tgc tgt ctc ttc ggg att tgc gac gct gtc aca ggt tcc 102
 Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe Gly Ile Cys Asp Ala Val Thr Gly Ser
 10 15 20

agg gta tac ccc gcg aat gaa gtt acc tta ttg gat tcc aga tct gtt 150
 Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu Leu Asp Ser Arg Ser Val
 25 30 35

cag gga gaa ctt ggg tgg ata gca agc cct ctg gaa gga ggg tgg gag 198
 Gln Gly Glu Leu Gly Trp Ile Ala Ser Pro Leu Glu Gly Gly Trp Glu
 40 45 50 55

gaa gtg agt atc atg gat gaa aaa aat aca cca atc cga acc tac caa 246
 Glu Val Ser Ile Met Asp Glu Lys Asn Thr Pro Ile Arg Thr Tyr Gln
 60 65 70

gtg tgc aat gtg atg gaa ccc agc cag aat aac tgg cta cga act gat 294
 Val Cys Asn Val Met Glu Pro Ser Gln Asn Asn Trp Leu Arg Thr Asp
 75 80 85

tgg atc acc cga gaa ggg gct cag agg gtg tat att gag att aaa ttc 342
 Trp Ile Thr Arg Glu Gly Ala Gln Arg Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe
 90 95 100

acc ttg agg gac tgc aat agt ctt ccg ggc gtc atg ggg act tgc aag 390
 Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu Pro Gly Val Met Gly Thr Cys Lys
 105 110 115

gag acg ttt aac ctg tac tac tat gaa tca gac aac gac aaa gag cgt 438
 Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Tyr Glu Ser Asp Asn Asp Lys Glu Arg
 120 125 130 135

ttc atc aga gag aac cag ttt gtc aaa att gac acc att gct gct gat 486
 Phe Ile Arg Glu Asn Gln Phe Val Lys Ile Asp Thr Ile Ala Ala Asp
 140 145 150

gag agc ttc acc caa gtg gac att ggt gac aga atc atg aag ctg aac 534
 Glu Ser Phe Thr Gln Val Asp Ile Gly Asp Arg Ile Met Lys Leu Asn
 155 160 165

acc gag atc cgg gat gta ggg cca tta agc aaa aag ggg ttt tac ctg 582
 Thr Glu Ile Arg Asp Val Gly Pro Leu Ser Lys Lys Gly Phe Tyr Leu

170	175	180	
gct ttt cag gat gtg ggg gcc tgc atc gcc ctg gta tca gtc cgt gtg			630
Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile Ala Leu Val Ser Val Arg Val			
185	190	195	
ttc tat aaa aag tgt cca ctc aca gtc cgc aat ctg gcc cag ttt cct			678
Phe Tyr Lys Lys Cys Pro Leu Thr Val Arg Asn Leu Ala Gln Phe Pro			
200	205	210	215
gac acc atc aca ggg gct gat acg tct tcc ctg gtg gaa gtt cga ggc			726
Asp Thr Ile Thr Gly Ala Asp Thr Ser Ser Leu Val Glu Val Arg Gly			
220	225	230	
tcc tgt gtc aac aac tca gaa gag aaa gat gtg cca aaa atg tac tgt			774
Ser Cys Val Asn Asn Ser Glu Glu Lys Asp Val Pro Lys Met Tyr Cys			
235	240	245	
ggg gca gat ggt gaa tgg ctg gta ccc att ggc aac tgc cta tgc aac			822
Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu Cys Asn			
250	255	260	
gct ggg cat gag gag cgg agc gga gaa tgc caa gct tgc aaa att gga			870
Ala Gly His Glu Glu Arg Ser Gly Glu Cys Gln Ala Cys Lys Ile Gly			
265	270	275	
tat tac aag gct ctc tcc acg gat gcc acc tgt gcc aag tgc cca ccc			918
Tyr Tyr Lys Ala Leu Ser Thr Asp Ala Thr Cys Ala Lys Cys Pro Pro			
280	285	290	295
cac agc tac tct gtc tgg gaa gga gcc acc tcg tgc acc tgt gac cga			966
His Ser Tyr Ser Val Trp Glu Gly Ala Thr Ser Cys Thr Cys Asp Arg			
300	305	310	
ggc ttt ttc aga gct gac aac gat gct gcc tct atg ccc tgc acc cgt			1014
Gly Phe Phe Arg Ala Asp Asn Asp Ala Ala Ser Met Pro Cys Thr Arg			
315	320	325	
cca cca tct gct ccc ctg aac ttg att tca aat gtc aac gag aca tct			1062
Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ile Ser Asn Val Asn Glu Thr Ser			
330	335	340	
gtg aac ttg gaa tgg agt agc cct cag aat aca ggt ggc cgc cag gac			1110
Val Asn Leu Glu Trp Ser Ser Pro Gln Asn Thr Gly Gly Arg Gln Asp			

345	350	355	
att tcc tat aat gtg gta tgc aag aaa tgt gga gct ggt gac ccc agc			1158
Ile Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys Cys Gly Ala Gly Asp Pro Ser			
360	365	370	375
aag tgc cga ccc tgt gga agt ggg gtc cac tac acc cca cag cag aat			1206
Lys Cys Arg Pro Cys Gly Ser Gly Val His Tyr Thr Pro Gln Gln Asn			
	380	385	390
ggc ttg aag acc acc aaa gtc tcc atc act gac ctc cta gct cat acc			1254
Gly Leu Lys Thr Thr Lys Val Ser Ile Thr Asp Leu Leu Ala His Thr			
	395	400	405
aat tac acc ttt gaa atc tgg gct gtg aat gga gtg tcc aaa tat aac			1302
Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Trp Ala Val Asn Gly Val Ser Lys Tyr Asn			
	410	415	420
cct aac cca gac caa tca gtt tct gtc act gtg acc acc aac caa gca			1350
Pro Asn Pro Asp Gln Ser Val Ser Val Thr Val Thr Thr Asn Gln Ala			
	425	430	435
gca cca tca tcc att gct ttg gtc cag gct aaa gaa gtc aca aga tac			1398
Ala Pro Ser Ser Ile Ala Leu Val Gln Ala Lys Glu Val Thr Arg Tyr			
440	445	450	455
agt gtg gca ctg gct tgg ctg gaa cca gat cgg ccc aat ggg gta atc			1446
Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu Glu Pro Asp Arg Pro Asn Gly Val Ile			
	460	465	470
ctg gaa tat gaa gtc aag tat tat gag aag gat cag aat gag cga agc			1494
Leu Glu Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Asp Gln Asn Glu Arg Ser			
	475	480	485
tat cgt ata gtt cgg aca gct gcc agg aac aca gat atc aaa ggc ctg			1542
Tyr Arg Ile Val Arg Thr Ala Ala Arg Asn Thr Asp Ile Lys Gly Leu			
	490	495	500
aac cct ctc act tcc tat gtt ttc cac gtg cga gcc agg aca gca gct			1590
Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val Phe His Val Arg Ala Arg Thr Ala Ala			
	505	510	515
ggc tat gga gac ttc agt gag ccc ttg gag gtt aca acc aac aca gtg			1638
Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu Glu Val Thr Thr Asn Thr Val			

520	525	530	535	
cct tcc cgg atc att gga gat ggg gct aac tcc aca gtc ctt ctg gtc				1686
Pro Ser Arg Ile Ile Gly Asp Gly Ala Asn Ser Thr Val Leu Leu Val				
	540	545	550	
tct gtc tcg ggc agt gtg gtg ctg gtg gta att ctc att gca gct ttt				1734
Ser Val Ser Gly Ser Val Val Leu Val Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe				
	555	560	565	
gtc atc agc cgg aga cgg agt aaa tac agt aaa gcc aaa caa gaa gcg				1782
Val Ile Ser Arg Arg Arg Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala				
	570	575	580	
gat gaa gag aaa cat ttg aat caa ggt gta aga aca tat gtg gac ccc				1830
Asp Glu Glu Lys His Leu Asn Gln Gly Val Arg Thr Tyr Val Asp Pro				
	585	590	595	
ttt acg tac gaa gat ccc aac caa gca gtg cga gag ttt gcc aaa gaa				1878
Phe Thr Tyr Glu Asp Pro Asn Gln Ala Val Arg Glu Phe Ala Lys Glu				
600	605	610	615	
att gac gca tcc tgc att aag att gaa aaa gtt ata gga gtt ggt gaa				1926
Ile Asp Ala Ser Cys Ile Lys Ile Glu Lys Val Ile Gly Val Gly Glu				
	620	625	630	
ttt ggt gag gta tgc agt ggg cgt ctc aaa gtg cct ggc aag aga gag				1974
Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu Lys Val Pro Gly Lys Arg Glu				
	635	640	645	
atc tgt gtg gct atc aag act ctg aaa gct ggt tat aca gac aaa cag				2022
Ile Cys Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys Ala Gly Tyr Thr Asp Lys Gln				
	650	655	660	
agg aga gac ttc ctg agt gag gcc agc atc atg gga cag ttt gac cat				2070
Arg Arg Asp Phe Leu Ser Glu Ala Ser Ile Met Gly Gln Phe Asp His				
	665	670	675	
ccg aac atc att cac ttg gaa ggc gtg gtc act aaa tgt aaa cca gta				2118
Pro Asn Ile Ile His Leu Glu Gly Val Val Thr Lys Cys Lys Pro Val				
680	685	690	695	
atg atc ata aca gag tac atg gag aat ggc tcc ttg gat gca ttc ctc				2166
Met Ile Ile Thr Glu Tyr Met Glu Asn Gly Ser Leu Asp Ala Phe Leu				

700	705	710	
agg aaa aat gat ggc aga ttt aca gtc att cag ctg gtg ggc atg ctt Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe Thr Val Ile Gln Leu Val Gly Met Leu 715 720 725			2214
cgt ggc att ggg tct ggg atg aag tat tta tct gat atg agc tat gtg Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val 730 735 740			2262
cat cgt gat ctg gcc gca cgg aac atc ctg gtg aac agc aac ttg gtc His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu Val 745 750 755			2310
tgc aaa gtg tct gat ttt ggc atg tcc cga gtg ctt gag gat gat ccg Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Met Ser Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro 760 765 770 775			2358
gaa gca gct tac acc acc agg ggt ggc aag att cct atc cgg tgg act Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr 780 785 790			2406
gcg cca gaa gca att gcc tat cgt aaa ttc aca tca gca agt gat gta Ala Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val 795 800 805			2454
tgg agc tat gga atc gtt atg tgg gaa gtg atg tcg tac ggg gag agg Trp Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg 810 815 820			2502
ccc tat tgg gat atg tcc aat caa gat gtg att aaa gcc att gag gaa Pro Tyr Trp Asp Met Ser Asn Gln Asp Val Ile Lys Ala Ile Glu Glu 825 830 835			2550
ggc tat cgg tta ccc cct cca atg gac tgc ccc att gcg ctc cac cag Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp Cys Pro Ile Ala Leu His Gln 840 845 850 855			2598
ctg atg cta gac tgc tgg cag aag gag agg agc gac agg cct aaa ttt Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Glu Arg Ser Asp Arg Pro Lys Phe 860 865 870			2646
ggg cag att gtc aac atg ttg gac aaa ctc atc cgc aac ccc aac agc Gly Gln Ile Val Asn Met Leu Asp Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser			2694

875	880	885	
ttg aag agg aca ggg acg gag agc tcc aga cct aac act gcc ttg ttg			2742
Leu Lys Arg Thr Gly Thr Glu Ser Ser Arg Pro Asn Thr Ala Leu Leu			
890	895	900	
gat cca agc tcc cct gaa ttc tct gct gtg gta tca gtg ggc gat tgg			2790
Asp Pro Ser Ser Pro Glu Phe Ser Ala Val Val Ser Val Gly Asp Trp			
905	910	915	
ctc cag gcc att aaa atg gac cgg tat aag gat aac ttc aca gct gct			2838
Leu Gln Ala Ile Lys Met Asp Arg Tyr Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala			
920	925	930	935
ggt tat acc aca cta gag gct gtg gtg cac gtg aac cag gag gac ctg			2886
Gly Tyr Thr Thr Leu Glu Ala Val Val His Val Asn Gln Glu Asp Leu			
940	945	950	
gca aga att ggt atc aca gcc atc acg cac cag aat aag att ttg agc			2934
Ala Arg Ile Gly Ile Thr Ala Ile Thr His Gln Asn Lys Ile Leu Ser			
955	960	965	
agt gtc cag gca atg cga acc caa atg cag cag atg cac ggc aga atg			2982
Ser Val Gln Ala Met Arg Thr Gln Met Gln Gln Met His Gly Arg Met			
970	975	980	
gtt ccc gtc tga gccagtactg aataaactca aaactcttga aattagttta			3034
Val Pro Val			
985			
cctcatccat gcactttaat tgaagaactg cacttttttt acttcgtctt cgccctctga			3094
aattaaagaa atg			3107
<210>	4		
<211>	986		
<212>	PRT		
<213>	Homo sapiens		
<400>	4		
Met Ala Gly Ile Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe Gly Ile			

1 5 10 15

Cys Asp Ala Val Thr Gly Ser Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr
 20 25 30

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

Pro Leu Glu Gly Gly Trp Glu Glu Val Ser Ile Met Asp Glu Lys Asn
 50 55 60

Thr Pro Ile Arg Thr Tyr Gln Val Cys Asn Val Met Glu Pro Ser Gln
 65 70 75 80

Asn Asn Trp Leu Arg Thr Asp Trp Ile Thr Arg Glu Gly Ala Gln Arg
 85 90 95

Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu Pro
 100 105 110

Gly Val Met Gly Thr Cys Lys Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Tyr Glu
 115 120 125

Ser Asp Asn Asp Lys Glu Arg Phe Ile Arg Glu Asn Gln Phe Val Lys
 130 135 140

Ile Asp Thr Ile Ala Ala Asp Glu Ser Phe Thr Gln Val Asp Ile Gly
 145 150 155 160

Asp Arg Ile Met Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Asp Val Gly Pro Leu
 165 170 175

Ser Lys Lys Gly Phe Tyr Leu Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile
 180 185 190

Ala Leu Val Ser Val Arg Val Phe Tyr Lys Lys Cys Pro Leu Thr Val

195

200

205

Arg Asn Leu Ala Gln Phe Pro Asp Thr Ile Thr Gly Ala Asp Thr Ser
210 215 220

Ser Leu Val Glu Val Arg Gly Ser Cys Val Asn Asn Ser Glu Glu Lys
225 230 235 240

Asp Val Pro Lys Met Tyr Cys Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu Val Pro
245 250 255

Ile Gly Asn Cys Leu Cys Asn Ala Gly His Glu Glu Arg Ser Gly Glu
260 265 270

Cys Gln Ala Cys Lys Ile Gly Tyr Tyr Lys Ala Leu Ser Thr Asp Ala
275 280 285

Thr Cys Ala Lys Cys Pro Pro His Ser Tyr Ser Val Trp Glu Gly Ala
290 295 300

Thr Ser Cys Thr Cys Asp Arg Gly Phe Phe Arg Ala Asp Asn Asp Ala
305 310 315 320

Ala Ser Met Pro Cys Thr Arg Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ile
325 330 335

Ser Asn Val Asn Glu Thr Ser Val Asn Leu Glu Trp Ser Ser Pro Gln
340 345 350

Asn Thr Gly Gly Arg Gln Asp Ile Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys
355 360 365

Cys Gly Ala Gly Asp Pro Ser Lys Cys Arg Pro Cys Gly Ser Gly Val
370 375 380

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

385	390	395	400
Thr Asp Leu Leu Ala His Thr Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Trp Ala Val	405	410	415
Asn Gly Val Ser Lys Tyr Asn Pro Asn Pro Asp Gln Ser Val Ser Val	420	425	430
Thr Val Thr Thr Asn Gln Ala Ala Pro Ser Ser Ile Ala Leu Val Gln	435	440	445
Ala Lys Glu Val Thr Arg Tyr Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu Glu Pro	450	455	460
Asp Arg Pro Asn Gly Val Ile Leu Glu Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu	465	470	475
Lys Asp Gln Asn Glu Arg Ser Tyr Arg Ile Val Arg Thr Ala Ala Arg	485	490	495
Asn Thr Asp Ile Lys Gly Leu Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val Phe His	500	505	510
Val Arg Ala Arg Thr Ala Ala Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu	515	520	525
Glu Val Thr Thr Asn Thr Val Pro Ser Arg Ile Ile Gly Asp Gly Ala	530	535	540
Asn Ser Thr Val Leu Leu Val Ser Val Ser Gly Ser Val Val Leu Val	545	550	555
Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe Val Ile Ser Arg Arg Arg Ser Lys Tyr	565	570	575
Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala Asp Glu Glu Lys His Leu Asn Gln Gly	580	585	590

Val Arg Thr Tyr Val Asp Pro Phe Thr Tyr Glu Asp Pro Asn Gln Ala
595 600 605

Val Arg Glu Phe Ala Lys Glu Ile Asp Ala Ser Cys Ile Lys Ile Glu
610 615 620

Lys Val Ile Gly Val Gly Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu
625 630 635 640

Lys Val Pro Gly Lys Arg Glu Ile Cys Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys
645 650 655

Ala Gly Tyr Thr Asp Lys Gln Arg Arg Asp Phe Leu Ser Glu Ala Ser
660 665 670

Ile Met Gly Gln Phe Asp His Pro Asn Ile Ile His Leu Glu Gly Val
675 680 685

Val Thr Lys Cys Lys Pro Val Met Ile Ile Thr Glu Tyr Met Glu Asn
690 695 700

Gly Ser Leu Asp Ala Phe Leu Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe Thr Val
705 710 715 720

Ile Gln Leu Val Gly Met Leu Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr
725 730 735

Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile
740 745 750

Leu Val Asn Ser Asn Leu Val Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Met Ser
755 760 765

Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly
770 775 780

Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr Ala Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys
785 790 795 800

Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu
805 810 815

Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Asp Met Ser Asn Gln Asp
820 825 830

Val Ile Lys Ala Ile Glu Glu Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp
835 840 845

Cys Pro Ile Ala Leu His Gln Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Glu
850 855 860

Arg Ser Asp Arg Pro Lys Phe Gly Gln Ile Val Asn Met Leu Asp Lys
865 870 875 880

Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu Lys Arg Thr Gly Thr Glu Ser Ser
885 890 895

Arg Pro Asn Thr Ala Leu Leu Asp Pro Ser Ser Pro Glu Phe Ser Ala
900 905 910

Val Val Ser Val Gly Asp Trp Leu Gln Ala Ile Lys Met Asp Arg Tyr
915 920 925

Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Glu Ala Val Val
930 935 940

His Val Asn Gln Glu Asp Leu Ala Arg Ile Gly Ile Thr Ala Ile Thr
945 950 955 960

His Gln Asn Lys Ile Leu Ser Ser Val Gln Ala Met Arg Thr Gln Met
965 970 975

Gln Gln Met His Gly Arg Met Val Pro Val
 980 985

<210> 5
 <211> 4349
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (445)..(3093)

<400> 5
 tttttgaatc ggttgtggcg gccgcggcga ggaatggcgg tatttgtgag aggagtcggc 60
 gtttgaagag gtggaactcc tagggctttt ttgagagtga cggagtctac ctcttgttac 120
 ctagactgga gtgcagtggc acgatctcgg ctcaactgcaa cctctgcctc ccgggttcaa 180
 gcgattctcc tgcctcagcc tcttgagtag ctgggattac aggtgcctgc caccaagccc 240
 agctaatttt tgtattttta gtagagatgg ggtttcattg tgttggccag gctggctctg 300
 aactcctgac ctcgtgatcc gcccgccttg gcctcccaaa gtgctaggat tacaagtgtg 360
 agccaccgcg tccggccttt caaatggtat ttttgatttt cctcttcag tccttaaagc 420
 agctgattta gaagaataca aatc atg gct gaa aat agt gta tta aca tcc 471
 Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser
 1 5
 act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct aaa 519
 Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys
 10 15 20 25
 gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca tat 567
 Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr
 30 35 40
 gta gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt caa gaa 615

Val Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu
45 50 55

gct gga aaa caa gaa gaa ctt ata aaa gcc tta aag gac att aaa gtg 663
Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Ile Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val
60 65 70

ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg gat tct 711
Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser
75 80 85

ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat tct gtc 759
Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val
90 95 100 105

ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca cca gtt 807
Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val
110 115 120

gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca tgt cgc 855
Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg
125 130 135

ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt act gga 903
Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly
140 145 150

ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc cat cac 951
Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His
155 160 165

atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca cat ttg 999
Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu
170 175 180 185

gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg agt cta 1047
Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu
190 195 200

ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg gaa agg 1095
Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg
205 210 215

cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga aat gaa 1143
Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu

220	225	230	
ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att tta agt ttc ctg gga ttt			1191
Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Leu Ser Phe Leu Gly Phe			
235	240	245	
tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg caa gga			1239
Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly			
250	255	260	265
ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt gta gtt			1287
Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val			
270	275	280	
gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag aaa ctt			1335
Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu			
285	290	295	
tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg gat gcc			1383
Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala			
300	305	310	
cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act cct gag			1431
Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu			
315	320	325	
ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac agc aat			1479
Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn			
330	335	340	345
cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca aga gag			1527
Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Glu			
350	355	360	
aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct gag cat			1575
Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His			
365	370	375	
tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca gag tct			1623
Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser			
380	385	390	
agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct tct aaa			1671
Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys			

395	400	405	
agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa gtt gca			1719
Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala			
410	415	420	425
aaa gag ctt tat caa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg gca aca			1767
Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr			
	430	435	440
att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa cgt ggt			1815
Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly			
	445	450	455
gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt agc atc			1863
Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile			
	460	465	470
cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt gaa gac			1911
Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp			
	475	480	485
ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att ttt ctg			1959
Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu			
490	495	500	505
aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta aac ttc			2007
Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe			
	510	515	520
ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag aaa cca			2055
Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro			
	525	530	535
aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa tgt gga			2103
Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly			
	540	545	550
cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg tta ccc			2151
Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro			
555	560	565	
agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct gat gaa			2199
Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu			

570	575	580	585	
aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg aag gaa				2247
Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu				
	590	595	600	
gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct caa aag				2295
Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys				
	605	610	615	
caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct aat ctt				2343
Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu				
	620	625	630	
tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att tct cta				2391
Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu				
	635	640	645	
ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc ctc ttc				2439
Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe				
	650	655	660	665
aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att ggc act				2487
Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr				
	670	675	680	
ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt aag cat				2535
Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His				
	685	690	695	
att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac ata aga				2583
Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg				
	700	705	710	
gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg cca cca				2631
Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro				
	715	720	725	
aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca gat gaa				2679
Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu				
	730	735	740	745
ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta gct aac				2727
Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn				

750	755	760	
acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct gat cca			2775
Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro			
765	770	775	
gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg agt aga			2823
Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg			
780	785	790	
gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga gca ttc			2871
Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe			
795	800	805	
tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt atg aca			2919
Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr			
810	815	820	825
tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat aag cat			2967
Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His			
830	835	840	
gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc cct tct			3015
Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser			
845	850	855	
ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt cat acg			3063
Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr			
860	865	870	
tta agt aga tct aca act cat ttg ata tga agcgttacca aaatcttaa			3113
Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile			
875	880		
ttatagaaat gtatagacac ctcaactca aataagaac tgacttaaat ggtacttgta			3173
attagcacgt tggtgaaagc tggaaggaag ataaataaca ctaaactatg ctatttgatt			3233
tttctcttg aaagagtaag gtttacctgt tacattttca agttaattca tgtaaaaaat			3293
gatagtgatt ttgatgtaat ttatctcttg ttgaaatctg tcattcaaag gccaataatt			3353

taagttgcta tcagctgata ttagtagctt tgcaaccctg atagagtaaa taaatztat 3413
 gggtgggtgc caaatactgc tgtgaatcta tttgtatagt atccatgaat gaatztatgg 3473
 aaatagatat ttgtcagct caatztatgc agagattaaa tgacatcata atactggatg 3533
 aaaacttgca tagaattctg attaaatagt gggtctgttt cacatgtgca gtttgaagta 3593
 tttaaataac cactccttc acagtttatt ttcttctcaa gcgttttcaa gatctagcat 3653
 gtggatttta aaagatttgc cctcattaac aagaataaca tttaaaggag attgtttcaa 3713
 aatatttttg caaattgaga taaggacaga aagattgaga aacattgtat attttgcaa 3773
 aacaagatgt ttgtagctgt ttcagagaga gtacggtata tttatggtaa ttttatccac 3833
 tagcaaatct tgatttagtt tgatagctgt cgtcgggaatt ttattttgaa ggataagacc 3893
 atgggaaat tgtgtaag actgtttgta ccttcatga aataattctg aagttgcat 3953
 cagttttact aatcttctgt gaaatgcata gatatgcga tgttcaactt tttattgtgg 4013
 tcttataatt aaatgtaaaa ttgaaaattc atttgctgtt tcaaagtgtg atatctttca 4073
 caatagcctt tttatagtca gtaattcaga ataatcaagt tcatatggat aaatgcattt 4133
 ttatttecta tttctttagg gagtgtaca aatgtttgtc acttaaattt caagtttctg 4193
 ttttaatagt taactgacta tagattgttt tctatgcat gtatgtgcca cttctgagag 4253
 tagtaaatga ctctttgcta cattttaaaa gcaattgtat tagtaagaac tttgtaata 4313
 aatacctaaa acccaagtgt aaaaaaaaa aaaaaa 4349

<210> 6
 <211> 882
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu
 20 25 30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Met Pro Gln Ile
 35 40 45

Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu
 50 55 60

Ile Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser
 65 70 75 80

Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe
 85 90 95

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

Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys
 115 120 125

Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met
 130 135 140

Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu
 145 150 155 160

Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys
 165 170 175

Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly

180

185

190

Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro
 195 200 205

Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr
 210 215 220

Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln
 225 230 235 240

Asp Cys Ile Leu Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn
 245 250 255

Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly
 260 265 270

Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp
 275 280 285

Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp
 290 295 300

Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr
 305 310 315 320

Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser Met
 325 330 335

Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys
 340 345 350

Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Glu Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro
 355 360 365

Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu

370	375	380
Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr		
385	390	395
Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser		
	405	410
Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu		
	420	425
Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val		
	435	440
Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu		
	450	455
Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val His		
465	470	475
Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu		
	485	490
Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val		
	500	505
Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr		
	515	520
Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys		
	530	535
Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu		
545	550	555
Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn		
	565	570
		575

Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu
 580 585 590

Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu
 595 600 605

Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr
 610 615 620

Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu
 625 630 635 640

Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg
 645 650 655

Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala
 660 665 670

Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln
 675 680 685

Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser
 690 695 700

Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn
 705 710 715 720

Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu
 725 730 735

Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu
 740 745 750

Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala
 755 760 765

Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr
 770 775 780

Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys
 785 790 795 800

Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys
 805 810 815

Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly
 820 825 830

Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser
 835 840 845

Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro
 850 855 860

Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His
 865 870 875 880

Leu Ile

<210> 7
 <211> 1372
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (206)..(397)

<400> 7
 gcacgagggc gcttttgtct ccggtgagtt ttgtggcggg aagcttctgc gctggtgctt 60

agtaaccgac tttcctcgg actcctgcac gacctgctcc tacagccggc gatccactcc	120
cggtgttcc cccggagggt ccagaggcct ttcagaagga gaaggcagct ctgtttctct	180
gcagaggagt agggtccttt cagec atg aag cat gtg ttg aac ctc tac ctg	232
Met Lys His Val Leu Asn Leu Tyr Leu	
1 5	
tta ggt gtg gta ctg acc cta ctc tcc atc ttc gtt aga gtg atg gag	280
Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu	
10 15 20 25	
tcc cta gaa ggc tta cta gag agc cca tcg cct ggg acc tcc tgg acc	328
Ser Leu Glu Gly Leu Leu Glu Ser Pro Ser Pro Gly Thr Ser Trp Thr	
30 35 40	
acc aga agc caa cta gcc aac aca gag ccc acc aag ggc ctt cca gac	376
Thr Arg Ser Gln Leu Ala Asn Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu Pro Asp	
45 50 55	
cat cca tcc aga agc atg tga taagacctec ttccatactg gccatatttt	427
His Pro Ser Arg Ser Met	
60	
ggaacactga cctagacatg tccagatggg agtcccattc ctacgagaca agctgagcac	487
cgttgtaacc agagaactat tactaggcct tgaagaacct gtctaaactgg atgctcattg	547
cctgggcaag gcctgttttag gccggttgcg gtggctcatg cctgtaatcc tagcactttg	607
ggaggctgag gtgggtggat cacctgaggt caggagttcg agaccagcct cgccaacatg	667
gcgaaacccc atcictacta aaaatacaaa agttagctgg gtgtgggtggc agaggcctgt	727
aatcccagtt ccttgggagg ctgaggcggg agaattgctt gaaccggggg acggaggttg	787
cagtgaaccg agatgcact gctgtacca gcctgggcca cagtgaaga ctccatctca	847
aaaaaaaaa gaaaagaaaa agcctgttta atgcacaggt gtgagtggat tgcttatggc	907
tatgagatag gttgatctcg cccttacccc ggggtctggt gtatgctgtg ctttcctcag	967

cagiatggct ctgacatctc ttagatgtcc caacttcagc tgttgggaga tggatgatt 1027
 ttcaacceta ctctctaaac atctgtctgg gggtccttta gtcttgaatg tcttatgctc 1087
 aattatttgg tgttgagcct ctcttcaca agagctcctc catgtttgga tagcagttga 1147
 agaggttgtg tgggtgggct gttgggagtg aggatggagt gttcagtgcc catttctcat 1207
 ttacattttt aaagtcgttc ctccaacata gtgtgtattg gtctgaaggg ggtggtggga 1267
 tgccaaagcc tgcicaagtt atggacattg tggccacat gtggcttaaa tgattttttc 1327
 taactaataa agtggaatat atatttcaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1372

<210> 8
 <211> 63
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 8

Met Lys His Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
 1 5 10 15

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

Ser Pro Ser Pro Gly Thr Ser Trp Thr Thr Arg Ser Gln Leu Ala Asn
 35 40 45

Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu Pro Asp His Pro Ser Arg Ser Met
 50 55 60

<210> 9
 <211> 3516
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (767)..(1990)

<400> 9	
ggatcctgga gacaactttg ccgtgtgacg cgccgggagg actgcagggc ccgcggccga	60
gggctcggcg ccgcctgtga gcgggccgcg gcggccggct ctcccgggca ccaagcttgc	120
tccgcgccac tgcccgccgg ccgcggcgga ggacgacctg cccgtctccg ccgcgggcgg	180
cccttctcgg cgcgagccag tgagggcag gcgctcaggt gcgagcgcgg ggccccgcg	240
cagcgcgccg cgcagcgcg ccgaagccg cgccccgctc cgtccgggg ggctccagc	300
ccttcgcttc cgtctcagcc aagtgtcgtg gaccgctct ttcgccact tcccagcc	360
ccggccgaac cgccgctccc actgacgtg ctttcgcttc acctgaacc gggtcgcgg	420
gccccgacg cggaaaggat ggggagaagg ctgcagatgc cgaggcgc cagagcgc	480
gtgcgagcgt gaccgcgac ctccgcccg cccggcgcgc ccctcgggcc cccggggccc	540
tcggcgcgcc ttcctgccc cgcgggaacc cccgaggccc ggccggcccc ctcacctg	600
gagccggcgg cagccctccc gcggggcggg cgggcggagg cccgggcggg gcgggccc	660
ggcggggcgc gggcggggcg gcgccccg agccccgagc ccggccctgc gctcggctcg	720
actcggctcg cctcgcggcg ggcgccccg tcgccagcgg cgcacc atg gac ggg	775
	Met Asp Gly
	1
ctg ccc ggt cgg gcg ctg ggg gcc gcc tgc ctt ctg ctg ctg gcg gcc	823
Leu Pro Gly Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala	
5 10 15	
ggc tgg ctg ggg cct gag gcc tgg ggc tca ccc acg ccc ccg ccg acg	871
Gly Trp Leu Gly Pro Glu Ala Trp Gly Ser Pro Thr Pro Pro Pro Thr	

20	25	30	35	
cct gcc gcg ccg ccg cca ccc ccg cca ccc gga gcc ccg ggt ggc tcg				919
Pro Ala Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Ala Pro Gly Gly Ser	40	45	50	
cag gac acc tgt acg tcg tgc ggc ggc ttc cgg cgg cca gag gag ctc				967
Gln Asp Thr Cys Thr Ser Cys Gly Gly Phe Arg Arg Pro Glu Glu Leu	55	60	65	
ggc cga gtg gac ggc gac ttc ctg gag gcg gtg aag cgg cac atc ttg				1015
Gly Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile Leu	70	75	80	
agc cgc ctg cag atg cgg ggc cgg ccc aac atc acg cac gcc gtg cct				1063
Ser Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile Thr His Ala Val Pro	85	90	95	
aag gcc gcc atg gtc acg gcc ctg cgc aag ctg cac gcg ggc aag gtg				1111
Lys Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu His Ala Gly Lys Val	100	105	110	115
cgc gag gac ggc cgc gtg gag atc ccg cac ctc gac ggc cac gcc agc				1159
Arg Glu Asp Gly Arg Val Glu Ile Pro His Leu Asp Gly His Ala Ser	120	125	130	
ccg ggc gcc gac ggc cag gag cgc gtt tcc gaa atc atc agc ttc gcc				1207
Pro Gly Ala Asp Gly Gln Glu Arg Val Ser Glu Ile Ile Ser Phe Ala	135	140	145	
gag aca gat ggc ctc gcc tcc tcc cgg gtc cgc cta tac ttc ttc atc				1255
Glu Thr Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu Tyr Phe Phe Ile	150	155	160	
tcc aac gaa ggc aac cag aac ctg ttt gtg gtc cag gcc agc ctg tgg				1303
Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp	165	170	175	
ctt tac ctg aaa ctc ctg ccc tac gtc ctg gag aag ggc agc cgg cgg				1351
Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu Glu Lys Gly Ser Arg Arg	180	185	190	195
aag gtg cgg gtc aaa gtg tac ttc cag gag cag ggc cac ggt gac agg				1399
Lys Val Arg Val Lys Val Tyr Phe Gln Glu Gln Gly His Gly Asp Arg				

200	205	210	
tgg aac atg gtg gag aag agg gtg gac ctc aag cgc agc ggc tgg cat			1447
Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu Lys Arg Ser Gly Trp His			
215	220	225	
acc ttc cca ctc acg gag gcc atc cag gcc ttg ttt gag cgg ggc gag			1495
Thr Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu Phe Glu Arg Gly Glu			
230	235	240	
cgg cga ctc aac cta gac gtg cag tgt gac agc tgc cag gag ctg gcc			1543
Arg Arg Leu Asn Leu Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu Ala			
245	250	255	
gtg gtg ccg gtg ttc gtg gac cca ggc gaa gag tgc cac cga ccc ttt			1591
Val Val Pro Val Phe Val Asp Pro Gly Glu Glu Ser His Arg Pro Phe			
260	265	270	275
gtg gtg gtg cag gct cgg ctg ggc gac agc agg cac cgc att cgc aag			1639
Val Val Val Gln Ala Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg Ile Arg Lys			
280	285	290	
cga ggc ctg gag tgc gat ggc cgg acc aac ctc tgt tgc agg caa cag			1687
Arg Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln			
295	300	305	
ttc ttc att gac ttc cgc ctc atc ggc tgg aac gac tgg atc ata gca			1735
Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile Ile Ala			
310	315	320	
ccc acc ggc tac tac ggc aac tac tgt gag ggc agc tgc cca gcc tac			1783
Pro Thr Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr			
325	330	335	
ctg gca ggg gtc ccc ggc tct gcc tcc tcc ttc cac acg gct gtg gtg			1831
Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala Ser Ser Phe His Thr Ala Val Val			
340	345	350	355
aac cag tac cgc atg cgg ggt ctg aac ccc ggc acg gtg aac tcc tgc			1879
Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val Asn Ser Cys			
360	365	370	
tgc att ccc acc aag ctg agc acc atg tcc atg ctg tac ttc gat gat			1927
Cys Ile Pro Thr Lys Leu Ser Thr Met Ser Met Leu Tyr Phe Asp Asp			

375	380	385	
gag tac aac atc gtc aag cgg gac gtg ccc aac atg att gtg gag gag			1975
Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val Pro Asn Met Ile Val Glu Glu			
390	395	400	
tgc ggc tgc gcc tga cagtgcagg caggggcacg gtggtggggc acggagggca			2030
Cys Gly Cys Ala			
405			
gtcccgggtg ggcttcttcc agccccccgc gggaacgggg tacacggtgg gctgagtaca			2090
gtcattctgt tgggctgtgg agatagtgcc agggtgcggc ctgagatatt tttctacagc			2150
ttcatagagc aaccagtcaa aaccagagcg agaaccctca actgacatga aatactttaa			2210
aatgcacacg tagccacgca cagccagacg catcctgcca cccacacagc agcctccagg			2270
ataccagcaa atggatgcgg tgacaaatgg cagcttagct acaaatgcct gtcagtcgga			2330
gagaatgggg tgagcagcca ccattccacc agctggcccg gccacgtctc gaagttgcgc			2390
cttcccagc acacataaaa gcacaaagac agagacgcag agagagagag agagccacgg			2450
agagaaaaag cagatgcagg ggtggggagc gcagctcggc ggaggctgcg tgtccccgt			2510
ggcttttacc aggctgtctc tgcctggctc gatgtctgct tcttcccagc ctgggatcct			2570
tcgtgcttca aggctgggg agcctgtcct tccatgcct tgtcgaggga aagagacca			2630
gaaaggacac aaccctcag agacctggga gcaggggcaa tgaccgtttg actgttttg			2690
gcttgggcct ctgacatgac ttatgtgtgt gtgtgttttt ggggtgggga gggagggaga			2750
gaagaggggg ctaaatttga tgccttaact gatctcaac agttgacagg tcaccttgc			2810
cagttgtata actgaaaaag gacttttcta ccaggtatga ccttttaagt gaaaatctga			2870
attgttctaa atgaaaagaa aaaaagttgc aatctgtgcc cttcattggg gacattcctc			2930

taggactggt ttggggacgg gtgggaatga ccctaggca aggggatgag accgcaggag 2990

gaaatggcgg ggaggtggca ttcttgaact gctgaggatg gggggtgtcc cctcagcggga 3050

ggccaagga ggggagcagc ctagttagtc ttggagagat ggggaaggct ttcagctgat 3110

ttgcagaagt tgcccatgtg ggccaacca tcagggtgg ccgtggactg ggcccctgcc 3170

cactcacctg cccgectgcc cgcccgccg catagcactt gcagacctgc ctgaacgcac 3230

atgacatagc acttgccgat ctgctgtgac ccagaagtgg cccttggccg agcggccgaac 3290

tcgctgccc tctagatgac caagtggcac gtgaactatg caatttaaag ggttgacca 3350

cactagacga aactggactc gtacgactct ttttatattt tttatacttg aatgaaac 3410

ctttgcttct ttttaagcg aatgattgct tttaatgttt gcactgattt agttgcatga 3470

ttagtcagaa actgccattt gaaaaaaaa ttatTTTTAT agcagc 3516

<210> 10
 <211> 407
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 10

Met Asp Gly Leu Pro Gly Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Ala Ala Gly Trp Leu Gly Pro Glu Ala Trp Gly Ser Pro Thr Pro
 20 25 30

Pro Pro Thr Pro Ala Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Ala Pro
 35 40 45

Gly Gly Ser Gln Asp Thr Cys Thr Ser Cys Gly Gly Phe Arg Arg Pro
 50 55 60

Glu Glu Leu Gly Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg
65 70 75 80

His Ile Leu Ser Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile Thr His
85 90 95

Ala Val Pro Lys Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu His Ala
100 105 110

Gly Lys Val Arg Glu Asp Gly Arg Val Glu Ile Pro His Leu Asp Gly
115 120 125

His Ala Ser Pro Gly Ala Asp Gly Gln Glu Arg Val Ser Glu Ile Ile
130 135 140

Ser Phe Ala Glu Thr Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu Tyr
145 150 155 160

Phe Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala
165 170 175

Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu Glu Lys Gly
180 185 190

Ser Arg Arg Lys Val Arg Val Lys Val Tyr Phe Gln Glu Gln Gly His
195 200 205

Gly Asp Arg Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu Lys Arg Ser
210 215 220

Gly Trp His Thr Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu Phe Glu
225 230 235 240

Arg Gly Glu Arg Arg Leu Asn Leu Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln
245 250 255

Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val Asp Pro Gly Glu Glu Ser His
 260 265 270

Arg Pro Phe Val Val Val Gln Ala Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg
 275 280 285

Ile Arg Lys Arg Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu Cys Cys
 290 295 300

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp
 305 310 315 320

Ile Ile Ala Pro Thr Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys
 325 330 335

Pro Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala Ser Ser Phe His Thr
 340 345 350

Ala Val Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val
 355 360 365

Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu Ser Thr Met Ser Met Leu Tyr
 370 375 380

Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val Pro Asn Met Ile
 385 390 395 400

Val Glu Glu Cys Gly Cys Ala
 405

<210> 11
 <211> 2972
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS

<222> (28)..(2700)

<400> 11

tcttcggacc taggctgccc tgccgtc atg tcg caa ggg atc ctt tct ccg cca 54
 Met Ser Gln Gly Ile Leu Ser Pro Pro
 1 5

gcg ggc ttg ctg tcc gat gac gat gtc gta gtt tct ccc atg ttt gag 102
 Ala Gly Leu Leu Ser Asp Asp Asp Val Val Val Ser Pro Met Phe Glu
 10 15 20 25

tcc aca gct gca gat ttg ggg tct gtg gta cgc aag aac ctg cta tca 150
 Ser Thr Ala Ala Asp Leu Gly Ser Val Val Arg Lys Asn Leu Leu Ser
 30 35 40

gac tgc tct gtc gtc tct acc tcc cta gag gac aag cag cag gtt cca 198
 Asp Cys Ser Val Val Ser Thr Ser Leu Glu Asp Lys Gln Gln Val Pro
 45 50 55

tct gag gac agt atg gag aag gtg aaa gta tac ttg agg gtt agg ccc 246
 Ser Glu Asp Ser Met Glu Lys Val Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro
 60 65 70

ttg tta cct tca gag ttg gaa cga cag gaa gat cag ggt tgt gtc cgt 294
 Leu Leu Pro Ser Glu Leu Glu Arg Gln Glu Asp Gln Gly Cys Val Arg
 75 80 85

att gag aat gtg gag acc ctt gtt cta caa gca ccc aag gac tcg ttt 342
 Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu Val Leu Gln Ala Pro Lys Asp Ser Phe
 90 95 100 105

gcc ctg aag agc aat gaa cgg gga att ggc caa gcc aca cac agg ttc 390
 Ala Leu Lys Ser Asn Glu Arg Gly Ile Gly Gln Ala Thr His Arg Phe
 110 115 120

acc ttt tcc cag atc ttt ggg cca gaa gtg gga cag gca tcc ttc ttc 438
 Thr Phe Ser Gln Ile Phe Gly Pro Glu Val Gly Gln Ala Ser Phe Phe
 125 130 135

aac cta act gtg aag gag atg gta aag gat gta ctc aaa ggg cag aac 486
 Asn Leu Thr Val Lys Glu Met Val Lys Asp Val Leu Lys Gly Gln Asn
 140 145 150

tgg ctc atc tat aca tat gga gtc act aac tca ggg aaa acc cac acg 534
 Trp Leu Ile Tyr Thr Tyr Gly Val Thr Asn Ser Gly Lys Thr His Thr

155	160	165	
att caa ggt acc atc aag gat gga ggg att ctc ccc cgg tcc ctg gcg			582
Ile Gln Gly Thr Ile Lys Asp Gly Gly Ile Leu Pro Arg Ser Leu Ala			
170	175	180	185
ctg atc ttc aat agc ctc caa ggc caa ctt cat cca aca cct gat ctg			630
Leu Ile Phe Asn Ser Leu Gln Gly Gln Leu His Pro Thr Pro Asp Leu			
	190	195	200
aag ccc ttg ctc tcc aat gag gta atc tgg cta gac agc aag cag atc			678
Lys Pro Leu Leu Ser Asn Glu Val Ile Trp Leu Asp Ser Lys Gln Ile			
	205	210	215
cga cag gag gaa atg aag aag ctg tcc ctg cta aat gga ggc ctc caa			726
Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys Leu Ser Leu Leu Asn Gly Gly Leu Gln			
	220	225	230
gag gag gag ctg tcc act tcc ttg aag agg agt gtc tac atc gaa agt			774
Glu Glu Glu Leu Ser Thr Ser Leu Lys Arg Ser Val Tyr Ile Glu Ser			
	235	240	245
cgg ata ggt acc agc acc agc ttc gac agt ggc att gct ggg ctc tct			822
Arg Ile Gly Thr Ser Thr Ser Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu Ser			
	250	255	260
tct atc agt cag tgt acc agc agt agc cag ctg gat gaa aca agt cat			870
Ser Ile Ser Gln Cys Thr Ser Ser Ser Gln Leu Asp Glu Thr Ser His			
	270	275	280
cga tgg gca cag cca gac act gcc cca cta cct gtc ccg gca aac att			918
Arg Trp Ala Gln Pro Asp Thr Ala Pro Leu Pro Val Pro Ala Asn Ile			
	285	290	295
cgc ttc tcc atc tgg atc tca ttc ttt gag atc tac aac gaa ctg ctt			966
Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu			
	300	305	310
tat gac cta tta gaa ccg cct agc caa cag cgc aag agg cag act ttg			1014
Tyr Asp Leu Leu Glu Pro Pro Ser Gln Gln Arg Lys Arg Gln Thr Leu			
	315	320	325
cgg cta tgc gag gat caa aat ggc aat ccc tat gtg aaa gat ctc aac			1062
Arg Leu Cys Glu Asp Gln Asn Gly Asn Pro Tyr Val Lys Asp Leu Asn			

330	335	340	345	
tgg att cat gtg caa gat gct gag gag gcc tgg aag ctc cta aaa gtg Trp Ile His Val Gln Asp Ala Glu Glu Ala Trp Lys Leu Leu Lys Val				1110
	350	355	360	
ggt cgt aag aac cag agc ttt gcc agc acc cac ctc aac cag aac tcc Gly Arg Lys Asn Gln Ser Phe Ala Ser Thr His Leu Asn Gln Asn Ser				1158
	365	370	375	
agc cgc agt cac agc atc ttc tca atc agg atc cta cac ctt cag ggg Ser Arg Ser His Ser Ile Phe Ser Ile Arg Ile Leu His Leu Gln Gly				1206
	380	385	390	
gaa gga gat ata gtc ccc aag atc agc gag ctg tca ctc tgt gat ctg Glu Gly Asp Ile Val Pro Lys Ile Ser Glu Leu Ser Leu Cys Asp Leu				1254
	395	400	405	
gct ggc tca gag cgc tgc aaa gat cag aag agt ggt gaa cgg ttg aag Ala Gly Ser Glu Arg Cys Lys Asp Gln Lys Ser Gly Glu Arg Leu Lys				1302
	410	415	420	425
gaa gca gga aac att aac acc tct cta cac acc ctg ggc cgc tgt att Glu Ala Gly Asn Ile Asn Thr Ser Leu His Thr Leu Gly Arg Cys Ile				1350
	430	435	440	
gct gcc ctt cgt caa aac cag cag aac cgg tca aag cag aac ctg gtt Ala Ala Leu Arg Gln Asn Gln Gln Asn Arg Ser Lys Gln Asn Leu Val				1398
	445	450	455	
ccc ttc cgt gac agc aag ttg act cga gtg ttc caa ggt ttc ttc aca Pro Phe Arg Asp Ser Lys Leu Thr Arg Val Phe Gln Gly Phe Phe Thr				1446
	460	465	470	
ggc cga ggc cgt tcc tgc atg att gtc aat gtg aat ccc tgt gca tct Gly Arg Gly Arg Ser Cys Met Ile Val Asn Val Asn Pro Cys Ala Ser				1494
	475	480	485	
acc tat gat gaa act ctt cat gtg gcc aag ttc tca gcc att gct agc Thr Tyr Asp Glu Thr Leu His Val Ala Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser				1542
	490	495	500	505
cag ctt gtg cat gcc cca cct atg caa ctg gga ttc cca tcc ctg cac Gln Leu Val His Ala Pro Pro Met Gln Leu Gly Phe Pro Ser Leu His				1590

510	515	520	
tcg ttc atc aag gaa cat agt ctt cag gta tcc ccc agc tta gag aaa			1638
Ser Phe Ile Lys Glu His Ser Leu Gln Val Ser Pro Ser Leu Glu Lys			
525	530	535	
ggg gct aag gca gac aca ggc ctt gat gat gat att gaa aat gaa gct			1686
Gly Ala Lys Ala Asp Thr Gly Leu Asp Asp Asp Ile Glu Asn Glu Ala			
540	545	550	
gac atc tcc atg tat ggc aaa gag gag ctc cta caa gtt gtg gaa gcc			1734
Asp Ile Ser Met Tyr Gly Lys Glu Glu Leu Leu Gln Val Val Glu Ala			
555	560	565	
atg aag aca ctg ctt ttg aag gaa cga cag gaa aag cta cag ctg gag			1782
Met Lys Thr Leu Leu Leu Lys Glu Arg Gln Glu Lys Leu Gln Leu Glu			
570	575	580	585
atg cat ctc cga gat gaa att tgc aat gag atg gta gaa cag atg caa			1830
Met His Leu Arg Asp Glu Ile Cys Asn Glu Met Val Glu Gln Met Gln			
590	595	600	
cag cgg gaa cag tgg tgc agt gaa cat ttg gac acc caa aag gaa cta			1878
Gln Arg Glu Gln Trp Cys Ser Glu His Leu Asp Thr Gln Lys Glu Leu			
605	610	615	
ttg gag gaa atg tat gaa gaa aaa cta aat atc ctc aag gag tca ctg			1926
Leu Glu Glu Met Tyr Glu Glu Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu			
620	625	630	
aca agt ttt tac caa gaa gag att cag gag cgg gat gaa aag att gaa			1974
Thr Ser Phe Tyr Gln Glu Glu Ile Gln Glu Arg Asp Glu Lys Ile Glu			
635	640	645	
gag cta gaa gct ctc ttg cag gaa gcc aga caa cag tca gtg gcc cat			2022
Glu Leu Glu Ala Leu Leu Gln Glu Ala Arg Gln Gln Ser Val Ala His			
650	655	660	665
cag caa tca ggg tct gaa ttg gcc cta cgg cgg tca caa agg ttg gca			2070
Gln Gln Ser Gly Ser Glu Leu Ala Leu Arg Arg Ser Gln Arg Leu Ala			
670	675	680	
gct tct gcc tcc acc cag cag ctt cag gag gtt aaa gct aaa tta cag			2118
Ala Ser Ala Ser Thr Gln Gln Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu Gln			

685	690	695	
cag tgc aaa gca gag cta aac tct acc act gaa gag ttg cat aag tat			2166
Gln Cys Lys Ala Glu Leu Asn Ser Thr Thr Glu Glu Leu His Lys Tyr			
700	705	710	
cag aaa atg tta gaa cca cca ccc tca gcc aag ccc ttc acc att gat			2214
Gln Lys Met Leu Glu Pro Pro Pro Ser Ala Lys Pro Phe Thr Ile Asp			
715	720	725	
gtg gac aag aag tta gaa gag ggc cag aag aat ata agg ctg ttg cgg			2262
Val Asp Lys Lys Leu Glu Glu Gly Gln Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg			
730	735	740	745
aca gag ctt cag aaa ctt ggt gag tct ctc caa tca gca gag aga gct			2310
Thr Glu Leu Gln Lys Leu Gly Glu Ser Leu Gln Ser Ala Glu Arg Ala			
750	755	760	
tgt tgc cac agc act ggg gca gga aaa ctt cgt caa gcc ttg acc act			2358
Cys Cys His Ser Thr Gly Ala Gly Lys Leu Arg Gln Ala Leu Thr Thr			
765	770	775	
tgt gat gac atc tta atc aaa cag gac cag act ctg gct gaa ctg cag			2406
Cys Asp Asp Ile Leu Ile Lys Gln Asp Gln Thr Leu Ala Glu Leu Gln			
780	785	790	
aac aac atg gtg cta gtg aaa ctg gac ctt cgg aag aag gca gca tgt			2454
Asn Asn Met Val Leu Val Lys Leu Asp Leu Arg Lys Lys Ala Ala Cys			
795	800	805	
att gct gag cag tat cat act gtg ttg aaa ctc caa ggc cag gtt tct			2502
Ile Ala Glu Gln Tyr His Thr Val Leu Lys Leu Gln Gly Gln Val Ser			
810	815	820	825
gcc aaa aag cgc ctt ggt acc aac cag gaa aat cag caa cca aac caa			2550
Ala Lys Lys Arg Leu Gly Thr Asn Gln Glu Asn Gln Gln Pro Asn Gln			
830	835	840	
caa cca cca ggg aag aaa cca ttc ctt cga aat tta ctt ccc cga aca			2598
Gln Pro Pro Gly Lys Lys Pro Phe Leu Arg Asn Leu Leu Pro Arg Thr			
845	850	855	
cca acc tgc caa agc tca aca gac tgc agc cct tat gcc cgg atc cta			2646
Pro Thr Cys Gln Ser Ser Thr Asp Cys Ser Pro Tyr Ala Arg Ile Leu			

860	865	870	
cgc tca cgg cgt tcc cct tta ctc aaa tct ggg cct ttt ggc aaa aag			2694
Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu Leu Lys Ser Gly Pro Phe Gly Lys Lys			
875	880	885	
tac taa ggctgtgggg aaagagaaga gcagtcatgg cctgagggtg ggtcagctac			2750
Tyr			
890			
tctcctgaag aaataggctct cttttatgct ttaccatata tcaggaatta tatccaggat			2810
gcaatactca gacactagct tttttctcac ttttgattta taaccaccta tgtaatctca			2870
tgttgttggtt tttttttatt tacttatatg atttctatgc acacaaaaac agttatatta			2930
aagatattat tgttcacatt ttttattgaa aaaaaaaaaa aa			2972

<210> 12
 <211> 890
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 12

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

Asp	Val	Val	Val	Ser	Pro	Met	Phe	Glu	Ser	Thr	Ala	Ala	Asp	Leu	Gly
		20						25					30		

Ser	Val	Val	Arg	Lys	Asn	Leu	Leu	Ser	Asp	Cys	Ser	Val	Val	Ser	Thr
		35					40					45			

Ser	Leu	Glu	Asp	Lys	Gln	Gln	Val	Pro	Ser	Glu	Asp	Ser	Met	Glu	Lys
	50					55					60				

Val	Lys	Val	Tyr	Leu	Arg	Val	Arg	Pro	Leu	Leu	Pro	Ser	Glu	Leu	Glu
65					70					75					80

Arg Gln Glu Asp Gln Gly Cys Val Arg Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu
85 90 95

Val Leu Gln Ala Pro Lys Asp Ser Phe Ala Leu Lys Ser Asn Glu Arg
100 105 110

Gly Ile Gly Gln Ala Thr His Arg Phe Thr Phe Ser Gln Ile Phe Gly
115 120 125

Pro Glu Val Gly Gln Ala Ser Phe Phe Asn Leu Thr Val Lys Glu Met
130 135 140

Val Lys Asp Val Leu Lys Gly Gln Asn Trp Leu Ile Tyr Thr Tyr Gly
145 150 155 160

Val Thr Asn Ser Gly Lys Thr His Thr Ile Gln Gly Thr Ile Lys Asp
165 170 175

Gly Gly Ile Leu Pro Arg Ser Leu Ala Leu Ile Phe Asn Ser Leu Gln
180 185 190

Gly Gln Leu His Pro Thr Pro Asp Leu Lys Pro Leu Leu Ser Asn Glu
195 200 205

Val Ile Trp Leu Asp Ser Lys Gln Ile Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys
210 215 220

Leu Ser Leu Leu Asn Gly Gly Leu Gln Glu Glu Glu Leu Ser Thr Ser
225 230 235 240

Leu Lys Arg Ser Val Tyr Ile Glu Ser Arg Ile Gly Thr Ser Thr Ser
245 250 255

Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu Ser Ser Ile Ser Gln Cys Thr Ser
260 265 270

Ser Ser Gln Leu Asp Glu Thr Ser His Arg Trp Ala Gln Pro Asp Thr
 275 280 285

Ala Pro Leu Pro Val Pro Ala Asn Ile Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser
 290 295 300

Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu Leu Glu Pro Pro
 305 310 315 320

Ser Gln Gln Arg Lys Arg Gln Thr Leu Arg Leu Cys Glu Asp Gln Asn
 325 330 335

Gly Asn Pro Tyr Val Lys Asp Leu Asn Trp Ile His Val Gln Asp Ala
 340 345 350

Glu Glu Ala Trp Lys Leu Leu Lys Val Gly Arg Lys Asn Gln Ser Phe
 355 360 365

Ala Ser Thr His Leu Asn Gln Asn Ser Ser Arg Ser His Ser Ile Phe
 370 375 380

Ser Ile Arg Ile Leu His Leu Gln Gly Glu Gly Asp Ile Val Pro Lys
 385 390 395 400

Ile Ser Glu Leu Ser Leu Cys Asp Leu Ala Gly Ser Glu Arg Cys Lys
 405 410 415

Asp Gln Lys Ser Gly Glu Arg Leu Lys Glu Ala Gly Asn Ile Asn Thr
 420 425 430

Ser Leu His Thr Leu Gly Arg Cys Ile Ala Ala Leu Arg Gln Asn Gln
 435 440 445

Gln Asn Arg Ser Lys Gln Asn Leu Val Pro Phe Arg Asp Ser Lys Leu
 450 455 460

Thr Arg Val Phe Gln Gly Phe Phe Thr Gly Arg Gly Arg Ser Cys Met
465 470 475 480

Ile Val Asn Val Asn Pro Cys Ala Ser Thr Tyr Asp Glu Thr Leu His
485 490 495

Val Ala Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser Gln Leu Val His Ala Pro Pro
500 505 510

Met Gln Leu Gly Phe Pro Ser Leu His Ser Phe Ile Lys Glu His Ser
515 520 525

Leu Gln Val Ser Pro Ser Leu Glu Lys Gly Ala Lys Ala Asp Thr Gly
530 535 540

Leu Asp Asp Asp Ile Glu Asn Glu Ala Asp Ile Ser Met Tyr Gly Lys
545 550 555 560

Glu Glu Leu Leu Gln Val Val Glu Ala Met Lys Thr Leu Leu Leu Lys
565 570 575

Glu Arg Gln Glu Lys Leu Gln Leu Glu Met His Leu Arg Asp Glu Ile
580 585 590

Cys Asn Glu Met Val Glu Gln Met Gln Gln Arg Glu Gln Trp Cys Ser
595 600 605

Glu His Leu Asp Thr Gln Lys Glu Leu Leu Glu Glu Met Tyr Glu Glu
610 615 620

Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu Thr Ser Phe Tyr Gln Glu Glu
625 630 635 640

Ile Gln Glu Arg Asp Glu Lys Ile Glu Glu Leu Glu Ala Leu Leu Gln
645 650 655

Glu Ala Arg Gln Gln Ser Val Ala His Gln Gln Ser Gly Ser Glu Leu
 660 665 670

Ala Leu Arg Arg Ser Gln Arg Leu Ala Ala Ser Ala Ser Thr Gln Gln
 675 680 685

Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu Gln Gln Cys Lys Ala Glu Leu Asn
 690 695 700

Ser Thr Thr Glu Glu Leu His Lys Tyr Gln Lys Met Leu Glu Pro Pro
 705 710 715 720

Pro Ser Ala Lys Pro Phe Thr Ile Asp Val Asp Lys Lys Leu Glu Glu
 725 730 735

Gly Gln Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu Gln Lys Leu Gly
 740 745 750

Glu Ser Leu Gln Ser Ala Glu Arg Ala Cys Cys His Ser Thr Gly Ala
 755 760 765

Gly Lys Leu Arg Gln Ala Leu Thr Thr Cys Asp Asp Ile Leu Ile Lys
 770 775 780

Gln Asp Gln Thr Leu Ala Glu Leu Gln Asn Asn Met Val Leu Val Lys
 785 790 795 800

Leu Asp Leu Arg Lys Lys Ala Ala Cys Ile Ala Glu Gln Tyr His Thr
 805 810 815

Val Leu Lys Leu Gln Gly Gln Val Ser Ala Lys Lys Arg Leu Gly Thr
 820 825 830

Asn Gln Glu Asn Gln Gln Pro Asn Gln Gln Pro Pro Gly Lys Lys Pro
 835 840 845

Phe Leu Arg Asn Leu Leu Pro Arg Thr Pro Thr Cys Gln Ser Ser Thr
 850 855 860

Asp Cys Ser Pro Tyr Ala Arg Ile Leu Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu
 865 870 875 880

Leu Lys Ser Gly Pro Phe Gly Lys Lys Tyr
 885 890

<210> 13
 <211> 2150
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (105)..(2033)

<400> 13
 ctcgagccac gaaggcccg ctgtcctgtc tagcagatagc ttgcacgggt tacagaaatt 60

cggtccctgg gtcgtgtcag gaaactggaa aaaaggtcat aagc atg aag cgc agt 116
 Met Lys Arg Ser
 1

tca gtt tcc agc ggt ggt gct ggc cgc ctc tcc atg cag gag tta aga 164
 Ser Val Ser Ser Gly Gly Ala Gly Arg Leu Ser Met Gln Glu Leu Arg
 5 10 15 20

tcc cag gat gta aat aaa caa ggc ctc tat acc cct caa acc aaa gag 212
 Ser Gln Asp Val Asn Lys Gln Gly Leu Tyr Thr Pro Gln Thr Lys Glu
 25 30 35

aaa cca acc ttt gga aag ttg agt ata aac aaa ccg aca tct gaa aga 260
 Lys Pro Thr Phe Gly Lys Leu Ser Ile Asn Lys Pro Thr Ser Glu Arg
 40 45 50

aaa gtc tcg cta ttt ggc aaa aga act agt gga cat gga tcc cgg aat 308
 Lys Val Ser Leu Phe Gly Lys Arg Thr Ser Gly His Gly Ser Arg Asn
 55 60 65

agt caa ctt ggt ata ttt tcc agt tct gag aaa atc aag gac ccg aga 356

Ser Gln Leu Gly Ile Phe Ser Ser Ser Glu Lys Ile Lys Asp Pro Arg
70 75 80

cca ctt aat gac aaa gca ttc att cag cag tgt att cga caa ctc tgt 404
Pro Leu Asn Asp Lys Ala Phe Ile Gln Gln Cys Ile Arg Gln Leu Cys
85 90 95 100

gag ttt ctt aca gaa aat ggt tat gca cat aat gtg tcc atg aaa tct 452
Glu Phe Leu Thr Glu Asn Gly Tyr Ala His Asn Val Ser Met Lys Ser
105 110 115

cta caa gct ccc tct gtt aaa gac ttc ctg aag atc ttc aca ttt ctt 500
Leu Gln Ala Pro Ser Val Lys Asp Phe Leu Lys Ile Phe Thr Phe Leu
120 125 130

tat ggc ttc ctg tgc ccc tca tac gaa ctt cct gac aca aag ttt gaa 548
Tyr Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Thr Lys Phe Glu
135 140 145

gaa gag gtt cca aga atc ttt aaa gac ctt ggg tat cct ttt gca cta 596
Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr Pro Phe Ala Leu
150 155 160

tcc aaa agc tcc atg tac aca gtg ggg gct cct cat aca tgg cct cac 644
Ser Lys Ser Ser Met Tyr Thr Val Gly Ala Pro His Thr Trp Pro His
165 170 175 180

att gtg gca gcc tta gtt tgg cta ata gac tgc atc aag ata cat act 692
Ile Val Ala Ala Leu Val Trp Leu Ile Asp Cys Ile Lys Ile His Thr
185 190 195

gcc atg aaa gaa agc tca cct tta ttt gat gat ggg cag cct tgg gga 740
Ala Met Lys Glu Ser Ser Pro Leu Phe Asp Asp Gly Gln Pro Trp Gly
200 205 210

gaa gaa act gaa gat gga att atg cat aat aag ttg ttt ttg gac tac 788
Glu Glu Thr Glu Asp Gly Ile Met His Asn Lys Leu Phe Leu Asp Tyr
215 220 225

acc ata aaa tgc tat gag agt ttt atg agt ggt gcc gac agc ttt gat 836
Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe Met Ser Gly Ala Asp Ser Phe Asp
230 235 240

gag atg aat gca gag ctg cag tca aaa ctg aag gat tta ttt aat gtg 884
Glu Met Asn Ala Glu Leu Gln Ser Lys Leu Lys Asp Leu Phe Asn Val

245	250	255	260	
gat gct ttt aag ctg gaa tca tta gaa gca aaa aac aga gca ttg aat				932
Asp Ala Phe Lys Leu Glu Ser Leu Glu Ala Lys Asn Arg Ala Leu Asn				
	265	270	275	
gaa cag att gca aga ttg gaa caa gaa aga gaa aaa gaa ccg aat cgt				980
Glu Gln Ile Ala Arg Leu Glu Gln Glu Arg Glu Lys Glu Pro Asn Arg				
	280	285	290	
cta gag tcg ttg aga aaa ctg aag gct tcc tta caa gga gat gtt caa				1028
Leu Glu Ser Leu Arg Lys Leu Lys Ala Ser Leu Gln Gly Asp Val Gln				
	295	300	305	
aag tat cag gca tac atg agc aat ttg gag tct cat tca gcc att ctt				1076
Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu Glu Ser His Ser Ala Ile Leu				
	310	315	320	
gac cag aaa tta aat ggt ctc aat gag gaa att gct aga gta gaa cta				1124
Asp Gln Lys Leu Asn Gly Leu Asn Glu Glu Ile Ala Arg Val Glu Leu				
	325	330	335	340
gaa tgt gaa aca ata aaa cag gag aac act cga cta cag aat atc att				1172
Glu Cys Glu Thr Ile Lys Gln Glu Asn Thr Arg Leu Gln Asn Ile Ile				
	345	350	355	
gac aac cag aag tac tca gtt gca gac att gag cga ata aat cat gaa				1220
Asp Asn Gln Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg Ile Asn His Glu				
	360	365	370	
aga aat gaa ttg cag cag act att aat aaa tta acc aag gac ctg gaa				1268
Arg Asn Glu Leu Gln Gln Thr Ile Asn Lys Leu Thr Lys Asp Leu Glu				
	375	380	385	
gct gaa caa cag aag ttg tgg aat gag gag tta aaa tat gcc aga ggc				1316
Ala Glu Gln Gln Lys Leu Trp Asn Glu Glu Leu Lys Tyr Ala Arg Gly				
	390	395	400	
aaa gaa gcg att gaa aca caa tta gca gag tat cac aaa ttg gct aga				1364
Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu Ala Glu Tyr His Lys Leu Ala Arg				
	405	410	415	420
aaa tta aaa ctt att cct aaa ggt gct gag aat tcc aaa ggt tat gac				1412
Lys Leu Lys Leu Ile Pro Lys Gly Ala Glu Asn Ser Lys Gly Tyr Asp				

425	430	435	
ttt gaa att aag ttt aat ccc gag gct ggt gcc aac tgc ctt gtc aaa			1460
Phe Glu Ile Lys Phe Asn Pro Glu Ala Gly Ala Asn Cys Leu Val Lys			
440	445	450	
tac agg gct caa gtt tat gta cct ctt aag gaa ctc ctg aat gaa act			1508
Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu Leu Asn Glu Thr			
455	460	465	
gaa gaa gaa att aat aaa gcc cta aat aaa aaa atg ggt ttg gag gat			1556
Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met Gly Leu Glu Asp			
470	475	480	
act tta gaa caa ttg aat gca atg ata aca gaa agc aag aga agt gtg			1604
Thr Leu Glu Gln Leu Asn Ala Met Ile Thr Glu Ser Lys Arg Ser Val			
485	490	495	500
aga act ctg aaa gaa gaa gtt caa aag ctg gat gat ctt tac caa caa			1652
Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu Asp Asp Leu Tyr Gln Gln			
505	510	515	
aaa att aag gaa gca gag gaa gag gat gaa aaa tgt gcc agt gag ctt			1700
Lys Ile Lys Glu Ala Glu Glu Glu Asp Glu Lys Cys Ala Ser Glu Leu			
520	525	530	
gag tcc ttg gag aaa cac aag cac ctg cta gaa agt act gtt aac cag			1748
Glu Ser Leu Glu Lys His Lys His Leu Leu Glu Ser Thr Val Asn Gln			
535	540	545	
ggg ctc agt gaa gct atg aat gaa tta gat gct gtt cag cgg gaa tac			1796
Gly Leu Ser Glu Ala Met Asn Glu Leu Asp Ala Val Gln Arg Glu Tyr			
550	555	560	
caa cta gtt gtg caa acc acg act gaa gaa aga cga aaa gtg gga aat			1844
Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr Glu Glu Arg Arg Lys Val Gly Asn			
565	570	575	580
aac ttg caa cgt ctg tta gag atg gtt gct aca cat gtt ggg tct gta			1892
Asn Leu Gln Arg Leu Leu Glu Met Val Ala Thr His Val Gly Ser Val			
585	590	595	
gag aaa cat ctt gag gag cag att gct aaa gtt gat aga gaa tat gaa			1940
Glu Lys His Leu Glu Glu Gln Ile Ala Lys Val Asp Arg Glu Tyr Glu			

600	605	610													
gaa tgc atg tca gaa gat ctc tcg gaa aat att aaa gag att aga gat			1988												
Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Asn Ile Lys Glu Ile Arg Asp															
615	620	625													
aag tat gag aag aaa gct act cta att aag tct tct gaa gaa tga			2033												
Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile Lys Ser Ser Glu Glu															
630	635	640													
agataaaatg ttgatcatgt atatatatcc atagtgaata aaattgtctc agtaaaaaaa			2093												
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa			2150												
<210> 14															
<211> 642															
<212> PRT															
<213> Homo sapiens															
<400> 14															
Met	Lys	Arg	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Gly	Gly	Ala	Gly	Arg	Leu	Ser	Met
1			5					10					15		
Gln	Glu	Leu	Arg	Ser	Gln	Asp	Val	Asn	Lys	Gln	Gly	Leu	Tyr	Thr	Pro
			20					25					30		
Gln	Thr	Lys	Glu	Lys	Pro	Thr	Phe	Gly	Lys	Leu	Ser	Ile	Asn	Lys	Pro
		35					40					45			
Thr	Ser	Glu	Arg	Lys	Val	Ser	Leu	Phe	Gly	Lys	Arg	Thr	Ser	Gly	His
		50				55					60				
Gly	Ser	Arg	Asn	Ser	Gln	Leu	Gly	Ile	Phe	Ser	Ser	Ser	Glu	Lys	Ile
65					70					75				80	
Lys	Asp	Pro	Arg	Pro	Leu	Asn	Asp	Lys	Ala	Phe	Ile	Gln	Gln	Cys	Ile
				85					90					95	

Arg Gln Leu Cys Glu Phe Leu Thr Glu Asn Gly Tyr Ala His Asn Val
 100 105 110

Ser Met Lys Ser Leu Gln Ala Pro Ser Val Lys Asp Phe Leu Lys Ile
 115 120 125

Phe Thr Phe Leu Tyr Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu Pro Asp
 130 135 140

Thr Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr
 145 150 155 160

Pro Phe Ala Leu Ser Lys Ser Ser Met Tyr Thr Val Gly Ala Pro His
 165 170 175

Thr Trp Pro His Ile Val Ala Ala Leu Val Trp Leu Ile Asp Cys Ile
 180 185 190

Lys Ile His Thr Ala Met Lys Glu Ser Ser Pro Leu Phe Asp Asp Gly
 195 200 205

Gln Pro Trp Gly Glu Glu Thr Glu Asp Gly Ile Met His Asn Lys Leu
 210 215 220

Phe Leu Asp Tyr Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe Met Ser Gly Ala
 225 230 235 240

Asp Ser Phe Asp Glu Met Asn Ala Glu Leu Gln Ser Lys Leu Lys Asp
 245 250 255

Leu Phe Asn Val Asp Ala Phe Lys Leu Glu Ser Leu Glu Ala Lys Asn
 260 265 270

Arg Ala Leu Asn Glu Gln Ile Ala Arg Leu Glu Gln Glu Arg Glu Lys
 275 280 285

Glu Pro Asn Arg Leu Glu Ser Leu Arg Lys Leu Lys Ala Ser Leu Gln
 290 295 300

Gly Asp Val Gln Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu Glu Ser His
 305 310 315 320

Ser Ala Ile Leu Asp Gln Lys Leu Asn Gly Leu Asn Glu Glu Ile Ala
 325 330 335

Arg Val Glu Leu Glu Cys Glu Thr Ile Lys Gln Glu Asn Thr Arg Leu
 340 345 350

Gln Asn Ile Ile Asp Asn Gln Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg
 355 360 365

Ile Asn His Glu Arg Asn Glu Leu Gln Gln Thr Ile Asn Lys Leu Thr
 370 375 380

Lys Asp Leu Glu Ala Glu Gln Gln Lys Leu Trp Asn Glu Glu Leu Lys
 385 390 395 400

Tyr Ala Arg Gly Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu Ala Glu Tyr His
 405 410 415

Lys Leu Ala Arg Lys Leu Lys Leu Ile Pro Lys Gly Ala Glu Asn Ser
 420 425 430

Lys Gly Tyr Asp Phe Glu Ile Lys Phe Asn Pro Glu Ala Gly Ala Asn
 435 440 445

Cys Leu Val Lys Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu
 450 455 460

Leu Asn Glu Thr Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met
 465 470 475 480

Gly Leu Glu Asp Thr Leu Glu Gln Leu Asn Ala Met Ile Thr Glu Ser
 485 490 495

Lys Arg Ser Val Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu Asp Asp
 500 505 510

Leu Tyr Gln Gln Lys Ile Lys Glu Ala Glu Glu Glu Asp Glu Lys Cys
 515 520 525

Ala Ser Glu Leu Glu Ser Leu Glu Lys His Lys His Leu Leu Glu Ser
 530 535 540

Thr Val Asn Gln Gly Leu Ser Glu Ala Met Asn Glu Leu Asp Ala Val
 545 550 555 560

Gln Arg Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr Glu Glu Arg Arg
 565 570 575

Lys Val Gly Asn Asn Leu Gln Arg Leu Leu Glu Met Val Ala Thr His
 580 585 590

Val Gly Ser Val Glu Lys His Leu Glu Glu Gln Ile Ala Lys Val Asp
 595 600 605

Arg Glu Tyr Glu Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Asn Ile Lys
 610 615 620

Glu Ile Arg Asp Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile Lys Ser Ser
 625 630 635 640

Glu Glu

- <210> 15
- <211> 2984
- <212> DNA
- <213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (75)..(2648)

<400> 15

ggaaattcaa acgtgtttgc ggaaaggagt ttgggttcca tcttttcatt tccccagegc 60

agctttctgt agaa atg gaa tcc gag gat tta agt ggc aga gaa ttg aca 110

Met Glu Ser Glu Asp Leu Ser Gly Arg Glu Leu Thr

1 5 10

att gat tcc ata atg aac aaa gtg aga gac att aaa aat aag ttt aaa 158

Ile Asp Ser Ile Met Asn Lys Val Arg Asp Ile Lys Asn Lys Phe Lys

15 20 25

aat gaa gac ctt act gat gaa cta agc ttg aat aaa att tct gct gat 206

Asn Glu Asp Leu Thr Asp Glu Leu Ser Leu Asn Lys Ile Ser Ala Asp

30 35 40

act aca gat aac tcg gga act gtt aac caa att atg atg atg gca aac 254

Thr Thr Asp Asn Ser Gly Thr Val Asn Gln Ile Met Met Met Ala Asn

45 50 55 60

aac cca gag gac tgg ttg agt ttg ttg ctc aaa cta gag aaa aac agt 302

Asn Pro Glu Asp Trp Leu Ser Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser

65 70 75

gtt ccg cta agt gat gct ctt tta aat aaa ttg att ggt cgt tac agt 350

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

80 85 90

caa gca att gaa gcg ctt ccc cca gat aaa tat ggc caa aat gag agt 398

Gln Ala Ile Glu Ala Leu Pro Pro Asp Lys Tyr Gly Gln Asn Glu Ser

95 100 105

ttt gct aga att caa gtg aga ttt gct gaa tta aaa gct att caa gag 446

Phe Ala Arg Ile Gln Val Arg Phe Ala Glu Leu Lys Ala Ile Gln Glu

110 115 120

cca gat gat gca cgt gac tac ttt caa atg gcc aga gca aac tgc aag 494

Pro Asp Asp Ala Arg Asp Tyr Phe Gln Met Ala Arg Ala Asn Cys Lys

125 130 135 140

aaa ttt gct ttt gtt cat ata tct ttt gca caa ttt gaa ctg tca caa Lys Phe Ala Phe Val His Ile Ser Phe Ala Gln Phe Glu Leu Ser Gln 145 150 155	542
ggt aat gtc aaa aaa agt aaa caa ctt ctt caa aaa gct gta gaa cgt Gly Asn Val Lys Lys Ser Lys Gln Leu Leu Gln Lys Ala Val Glu Arg 160 165 170	590
gga gca gta cca cta gaa atg ctg gaa att gcc ctg cgg aat tta aac Gly Ala Val Pro Leu Glu Met Leu Glu Ile Ala Leu Arg Asn Leu Asn 175 180 185	638
ctc caa aaa aag cag ctg ctt tca gag gag gaa aag aag aat tta tca Leu Gln Lys Lys Gln Leu Leu Ser Glu Glu Glu Lys Lys Asn Leu Ser 190 195 200	686
gca tct acg gta tta act gcc caa gaa tca ttt tcc ggt tca ctt ggg Ala Ser Thr Val Leu Thr Ala Gln Glu Ser Phe Ser Gly Ser Leu Gly 205 210 215 220	734
cat tta cag aat agg aac aac agt tgt gat tcc aga gga cag act act His Leu Gln Asn Arg Asn Asn Ser Cys Asp Ser Arg Gly Gln Thr Thr 225 230 235	782
aaa gcc agg ttt tta tat gga gag aac atg cca cca caa gat gca gaa Lys Ala Arg Phe Leu Tyr Gly Glu Asn Met Pro Pro Gln Asp Ala Glu 240 245 250	830
ata ggt tac cgg aat tca ttg aga caa act aac aaa act aaa cag tca Ile Gly Tyr Arg Asn Ser Leu Arg Gln Thr Asn Lys Thr Lys Gln Ser 255 260 265	878
tgc cca ttt gga aga gtc cca gtt aac ctt cta aat agc cca gat tgt Cys Pro Phe Gly Arg Val Pro Val Asn Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys 270 275 280	926
gat gtg aag aca gat gat tca gtt gta cct tgt ttt atg aaa aga caa Asp Val Lys Thr Asp Asp Ser Val Val Pro Cys Phe Met Lys Arg Gln 285 290 295 300	974
acc tct aga tca gaa tgc cga gat ttg gtt gtg cct gga tct aaa cca Thr Ser Arg Ser Glu Cys Arg Asp Leu Val Val Pro Gly Ser Lys Pro 305 310 315	1022

agt gga aat gat tcc tgt gaa tta aga aat tta aag tct gtt caa aat Ser Gly Asn Asp Ser Cys Glu Leu Arg Asn Leu Lys Ser Val Gln Asn 320 325 330	1070
agt cat ttc aag gaa cct ctg gtg tca gat gaa aag agt tct gaa ctt Ser His Phe Lys Glu Pro Leu Val Ser Asp Glu Lys Ser Ser Glu Leu 335 340 345	1118
att att act gat tca ata acc ctg aag aat aaa acg gaa tca agt ctt Ile Ile Thr Asp Ser Ile Thr Leu Lys Asn Lys Thr Glu Ser Ser Leu 350 355 360	1166
cta gct aaa tta gaa gaa act aaa gag tat caa gaa cca gag gtt cca Leu Ala Lys Leu Glu Glu Thr Lys Glu Tyr Gln Glu Pro Glu Val Pro 365 370 375 380	1214
gag agt aac cag aaa cag tgg caa tct aag aga aag tca gag tgt att Glu Ser Asn Gln Lys Gln Trp Gln Ser Lys Arg Lys Ser Glu Cys Ile 385 390 395	1262
aac cag aat cct gct gca tct tca aat cac tgg cag att ccg gag tta Asn Gln Asn Pro Ala Ala Ser Ser Asn His Trp Gln Ile Pro Glu Leu 400 405 410	1310
gcc cga aaa gtt aat aca gag cag aaa cat acc act ttt gag caa cct Ala Arg Lys Val Asn Thr Glu Gln Lys His Thr Thr Phe Glu Gln Pro 415 420 425	1358
gtc ttt tca gtt tca aaa cag tca cca cca ata tca aca tct aaa tgg Val Phe Ser Val Ser Lys Gln Ser Pro Pro Ile Ser Thr Ser Lys Trp 430 435 440	1406
ttt gac cca aaa tct att tgt aag aca cca agc agc aat acc ttg gat Phe Asp Pro Lys Ser Ile Cys Lys Thr Pro Ser Ser Asn Thr Leu Asp 445 450 455 460	1454
gat tac atg agc tgt ttt aga act cca gtt gta aag aat gac ttt cca Asp Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val Val Lys Asn Asp Phe Pro 465 470 475	1502
cct gct tgt cag ttg tca aca cct tat ggc caa cct gcc tgt ttc cag Pro Ala Cys Gln Leu Ser Thr Pro Tyr Gly Gln Pro Ala Cys Phe Gln 480 485 490	1550

cag caa cag cat caa ata ctt gcc act cca ctt caa aat tta cag gtt Gln Gln Gln His Gln Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu Gln Val 495 500 505	1598
tta gca tct tct tca gca aat gaa tgc att tcg gtt aaa gga aga att Leu Ala Ser Ser Ser Ala Asn Glu Cys Ile Ser Val Lys Gly Arg Ile 510 515 520	1646
tat tcc att tta aag cag ata gga agt gga ggt tca agc aag gta ttt Tyr Ser Ile Leu Lys Gln Ile Gly Ser Gly Gly Ser Ser Lys Val Phe 525 530 535 540	1694
cag gtg tta aat gaa aag aaa cag ata tat gct ata aaa tat gtg aac Gln Val Leu Asn Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val Asn 545 550 555	1742
tta gaa gaa gca gat aac caa act ctt gat agt tac cgg aac gaa ata Leu Glu Glu Ala Asp Asn Gln Thr Leu Asp Ser Tyr Arg Asn Glu Ile 560 565 570	1790
gct tat ttg aat aaa cta caa caa cac agt gat aag atc atc cga ctt Ala Tyr Leu Asn Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile Arg Leu 575 580 585	1838
tat gat tat gaa atc acg gac cag tac atc tac atg gta atg gag tgt Tyr Asp Tyr Glu Ile Thr Asp Gln Tyr Ile Tyr Met Val Met Glu Cys 590 595 600	1886
gga aat att gat ctt aat agt tgg ctt aaa aag aaa aaa tcc att gat Gly Asn Ile Asp Leu Asn Ser Trp Leu Lys Lys Lys Lys Ser Ile Asp 605 610 615 620	1934
cca tgg gaa cgc aag agt tac tgg aaa aat atg tta gag gca gtt cac Pro Trp Glu Arg Lys Ser Tyr Trp Lys Asn Met Leu Glu Ala Val His 625 630 635	1982
aca atc cat caa cat ggc att gtt cac agt gat ctt aaa cca gct aac Thr Ile His Gln His Gly Ile Val His Ser Asp Leu Lys Pro Ala Asn 640 645 650	2030
ttt ctg ata gtt gat gga atg cta aag cta att gat ttt ggg att gca Phe Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile Ala 655 660 665	2078

aac caa atg caa cca gat aca aca agt gtt gtt aaa gat tct cag gtt Asn Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val Lys Asp Ser Gln Val 670 675 680	2126
ggc aca gtt aat tat atg cca cca gaa gca atc aaa gat atg tct tcc Gly Thr Val Asn Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met Ser Ser 685 690 695 700	2174
tcc aga gag aat ggg aaa tct aag tca aag ata agc ccc aaa agt gat Ser Arg Glu Asn Gly Lys Ser Lys Ser Lys Ile Ser Pro Lys Ser Asp 705 710 715	2222
gtt tgg tcc tta gga tgt att ttg tac tat atg act tac ggg aaa aca Val Trp Ser Leu Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met Thr Tyr Gly Lys Thr 720 725 730	2270
cca ttt cag cag ata att aat cag att tct aaa tta cat gcc ata att Pro Phe Gln Gln Ile Ile Asn Gln Ile Ser Lys Leu His Ala Ile Ile 735 740 745	2318
gat cct aat cat gaa att gaa ttt ccc gat att cca gag aaa gat ctt Asp Pro Asn His Glu Ile Glu Phe Pro Asp Ile Pro Glu Lys Asp Leu 750 755 760	2366
caa gat gtg tta aag tgt tgt tta aaa agg gac cca aaa cag agg ata Gln Asp Val Leu Lys Cys Cys Leu Lys Arg Asp Pro Lys Gln Arg Ile 765 770 775 780	2414
tcc att cct gag ctc ctg gct cat ccc tat gtt caa att caa act cat Ser Ile Pro Glu Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile Gln Thr His 785 790 795	2462
cca gtt aac caa atg gcc aag gga acc act gaa gaa atg aaa tat gtt Pro Val Asn Gln Met Ala Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val 800 805 810	2510
ctg ggc caa ctt gtt ggt ctg aat tct cct aac tcc att ttg aaa gct Leu Gly Gln Leu Val Gly Leu Asn Ser Pro Asn Ser Ile Leu Lys Ala 815 820 825	2558
gct aaa act tta tat gaa cac tat agt ggt ggt gaa agt cat aat tct Ala Lys Thr Leu Tyr Glu His Tyr Ser Gly Gly Glu Ser His Asn Ser 830 835 840	2606

tca tcc tcc aag act ttt gaa aaa aaa agg gga aaa aaa tga 2648
 Ser Ser Ser Lys Thr Phe Glu Lys Lys Arg Gly Lys Lys
 845 850 855

tttcagttt ttcgtaatgt caaataccac ctataaaata tattggactg ttatactctt 2708

gaatccctgt ggaaatctac atttgaagac aacatcactc tgaagtgtta tcagcaaaaa 2768

aaattcagta gattatcttt aaaagaaaac tgtaaaaata gcaaccactt atggtactgt 2828

atatattgta gacttgTTTT ctctgtttta tgctcttTgt taatctactt gacatcattt 2888

tactcttTga atagtggTg gatagcaagt atattctaaa aaactttgta aataaagttt 2948

tgtggctaaa atgacactaa aaaaaaaaa aaaaaa 2984

<210> 16
 <211> 857
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 16

Met Glu Ser Glu Asp Leu Ser Gly Arg Glu Leu Thr Ile Asp Ser Ile
 1 5 10 15

Met Asn Lys Val Arg Asp Ile Lys Asn Lys Phe Lys Asn Glu Asp Leu
 20 25 30

Thr Asp Glu Leu Ser Leu Asn Lys Ile Ser Ala Asp Thr Thr Asp Asn
 35 40 45

Ser Gly Thr Val Asn Gln Ile Met Met Met Ala Asn Asn Pro Glu Asp
 50 55 60

Trp Leu Ser Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser Val Pro Leu Ser
 65 70 75 80

Asp Ala Leu Leu Asn Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala Ile Glu
85 90 95

Ala Leu Pro Pro Asp Lys Tyr Gly Gln Asn Glu Ser Phe Ala Arg Ile
100 105 110

Gln Val Arg Phe Ala Glu Leu Lys Ala Ile Gln Glu Pro Asp Asp Ala
115 120 125

Arg Asp Tyr Phe Gln Met Ala Arg Ala Asn Cys Lys Lys Phe Ala Phe
130 135 140

Val His Ile Ser Phe Ala Gln Phe Glu Leu Ser Gln Gly Asn Val Lys
145 150 155 160

Lys Ser Lys Gln Leu Leu Gln Lys Ala Val Glu Arg Gly Ala Val Pro
165 170 175

Leu Glu Met Leu Glu Ile Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys
180 185 190

Gln Leu Leu Ser Glu Glu Glu Lys Lys Asn Leu Ser Ala Ser Thr Val
195 200 205

Leu Thr Ala Gln Glu Ser Phe Ser Gly Ser Leu Gly His Leu Gln Asn
210 215 220

Arg Asn Asn Ser Cys Asp Ser Arg Gly Gln Thr Thr Lys Ala Arg Phe
225 230 235 240

Leu Tyr Gly Glu Asn Met Pro Pro Gln Asp Ala Glu Ile Gly Tyr Arg
245 250 255

Asn Ser Leu Arg Gln Thr Asn Lys Thr Lys Gln Ser Cys Pro Phe Gly
260 265 270

Arg Val Pro Val Asn Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys Asp Val Lys Thr
 275 280 285

Asp Asp Ser Val Val Pro Cys Phe Met Lys Arg Gln Thr Ser Arg Ser
 290 295 300

Glu Cys Arg Asp Leu Val Val Pro Gly Ser Lys Pro Ser Gly Asn Asp
 305 310 315 320

Ser Cys Glu Leu Arg Asn Leu Lys Ser Val Gln Asn Ser His Phe Lys
 325 330 335

Glu Pro Leu Val Ser Asp Glu Lys Ser Ser Glu Leu Ile Ile Thr Asp
 340 345 350

Ser Ile Thr Leu Lys Asn Lys Thr Glu Ser Ser Leu Leu Ala Lys Leu
 355 360 365

Glu Glu Thr Lys Glu Tyr Gln Glu Pro Glu Val Pro Glu Ser Asn Gln
 370 375 380

Lys Gln Trp Gln Ser Lys Arg Lys Ser Glu Cys Ile Asn Gln Asn Pro
 385 390 395 400

Ala Ala Ser Ser Asn His Trp Gln Ile Pro Glu Leu Ala Arg Lys Val
 405 410 415

Asn Thr Glu Gln Lys His Thr Thr Phe Glu Gln Pro Val Phe Ser Val
 420 425 430

Ser Lys Gln Ser Pro Pro Ile Ser Thr Ser Lys Trp Phe Asp Pro Lys
 435 440 445

Ser Ile Cys Lys Thr Pro Ser Ser Asn Thr Leu Asp Asp Tyr Met Ser
 450 455 460

Cys Phe Arg Thr Pro Val Val Lys Asn Asp Phe Pro Pro Ala Cys Gln
 465 470 475 480

Leu Ser Thr Pro Tyr Gly Gln Pro Ala Cys Phe Gln Gln Gln Gln His
 485 490 495

Gln Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu Gln Val Leu Ala Ser Ser
 500 505 510

Ser Ala Asn Glu Cys Ile Ser Val Lys Gly Arg Ile Tyr Ser Ile Leu
 515 520 525

Lys Gln Ile Gly Ser Gly Gly Ser Ser Lys Val Phe Gln Val Leu Asn
 530 535 540

Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val Asn Leu Glu Glu Ala
 545 550 555 560

Asp Asn Gln Thr Leu Asp Ser Tyr Arg Asn Glu Ile Ala Tyr Leu Asn
 565 570 575

Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile Arg Leu Tyr Asp Tyr Glu
 580 585 590

Ile Thr Asp Gln Tyr Ile Tyr Met Val Met Glu Cys Gly Asn Ile Asp
 595 600 605

Leu Asn Ser Trp Leu Lys Lys Lys Lys Ser Ile Asp Pro Trp Glu Arg
 610 615 620

Lys Ser Tyr Trp Lys Asn Met Leu Glu Ala Val His Thr Ile His Gln
 625 630 635 640

His Gly Ile Val His Ser Asp Leu Lys Pro Ala Asn Phe Leu Ile Val
 645 650 655

Asp Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile Ala Asn Gln Met Gln
 660 665 670

Pro Asp Thr Thr Ser Val Val Lys Asp Ser Gln Val Gly Thr Val Asn
 675 680 685

Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met Ser Ser Ser Arg Glu Asn
 690 695 700

Gly Lys Ser Lys Ser Lys Ile Ser Pro Lys Ser Asp Val Trp Ser Leu
 705 710 715 720

Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met Thr Tyr Gly Lys Thr Pro Phe Gln Gln
 725 730 735

Ile Ile Asn Gln Ile Ser Lys Leu His Ala Ile Ile Asp Pro Asn His
 740 745 750

Glu Ile Glu Phe Pro Asp Ile Pro Glu Lys Asp Leu Gln Asp Val Leu
 755 760 765

Lys Cys Cys Leu Lys Arg Asp Pro Lys Gln Arg Ile Ser Ile Pro Glu
 770 775 780

Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile Gln Thr His Pro Val Asn Gln
 785 790 795 800

Met Ala Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val Leu Gly Gln Leu
 805 810 815

Val Gly Leu Asn Ser Pro Asn Ser Ile Leu Lys Ala Ala Lys Thr Leu
 820 825 830

Tyr Glu His Tyr Ser Gly Gly Glu Ser His Asn Ser Ser Ser Ser Lys
 835 840 845

Thr Phe Glu Lys Lys Arg Gly Lys Lys
 850 855

<210> 17
 <211> 1735
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (242)..(913)

<400> 17
 gttatcagag gtgagcccggt gctcttcagc ggagaagatc ccctacctgg ccgccggcca 60

 ctttctgtgg gccgtgggggt cctcaaggag acggcccttg ggctcagggg ctgcgtttcc 120

 acacgcgect ttcccagggc tcccgcgccc gttcctgect ggccgcccgc cgctccaaca 180

 gcagcacaag gcgggactca gaaccggcgt tcagggccgc cagcggccgc gaggccctga 240

 g atg agg ctc caa aga ccc cga cag gcc ccg gcg ggt ggg agg cgc gcg 289
 Met Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala Gly Gly Arg Arg Ala
 1 5 10 15

 ccc cgg ggc ggg cgg ggc tcc ccc tac cgg cca gac ccg ggg aga ggc 337
 Pro Arg Gly Gly Arg Gly Ser Pro Tyr Arg Pro Asp Pro Gly Arg Gly
 20 25 30

 gcg cgg agg ctg cga agg ttc cag aag ggc ggg gag ggg gcg ccg cgc 385
 Ala Arg Arg Leu Arg Arg Phe Gln Lys Gly Gly Glu Gly Ala Pro Arg
 35 40 45

 gct gac cct ccc tgg gca ccg ctg ggg acg atg gcg ctg ctc gcc ttg 433
 Ala Asp Pro Pro Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu
 50 55 60

 ctg ctg gtc gtg gcc cta ccg cgg gtg tgg aca gac gcc aac ctg act 481
 Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
 65 70 75 80

gcg aga caa cga gat cca gag gac tcc cag cga acg gac gag ggt gac 529
 Ala Arg Gln Arg Asp Pro Glu Asp Ser Gln Arg Thr Asp Glu Gly Asp
 85 90 95

aat aga gtg tgg tgt cat gtt tgt gag aga gaa aac act ttc gag tgc 577
 Asn Arg Val Trp Cys His Val Cys Glu Arg Glu Asn Thr Phe Glu Cys
 100 105 110

cag aac cca agg agg tgc aaa tgg aca gag cca tac tgc gtt ata gcg 625
 Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala
 115 120 125

gcc gtg aaa ata ttt cca cgt ttt ttc atg gtt gcg aag cag tgc tcc 673
 Ala Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser
 130 135 140

gct ggt tgt gca gcg atg gag aga ccc aag cca gag gag aag cgg ttt 721
 Ala Gly Cys Ala Ala Met Glu Arg Pro Lys Pro Glu Glu Lys Arg Phe
 145 150 155 160

ctc ctg gaa gag ccc atg ccc ttc ttt tac ctc aag tgt tgt aaa att 769
 Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile
 165 170 175

cgc tac tgc aat tta gag ggg cca cct atc aac tca tca gtg ttc aaa 817
 Arg Tyr Cys Asn Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val Phe Lys
 180 185 190

gaa tat gct ggg agc atg ggt gag agc tgt ggt ggg ctg tgg ctg gcc 865
 Glu Tyr Ala Gly Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu Trp Leu Ala
 195 200 205

atc ctc ctg ctg ctg gcc tcc att gca gcc ggc ctc agc ctg tct tga 913
 Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu Ser Leu Ser
 210 215 220

gccacgggac tgccacagac tgagccttcc ggagcatgga ctgctccag accgttgtca 973

cctgttgcatt taaacttgtt ttctgttgat tacctcttgg tttgacttcc cagggtcttg 1033

ggatgggaga gtgggatca ggtgcagttg gctcttaacc ctcaagggtt ctttaactca 1093

cattcagagg aagtccagat ctctgagta gtgattttgg tgacaagttt ttctctttga 1153

aatcaaacct tgtaactcat ttattgctga tggeccactct tttccttgac tccctctgc 1213
ctctgagggc ttcagtattg atggggaggg aggcctaagt accactcatg gagagtatgt 1273
gctgagatgc ttccgacctt tcaggtgacg caggaacact gggggagtct gaatgattgg 1333
ggtgaagaca tccttgagtg gaaggactcc tcagcatggg gggcagtggg gcacacgtta 1393
gggctgcccc cattccagtg gtggaggcgc tgtggatggc tgcttttctt caacctttcc 1453
taccagattc caggaggcag aagataacta attgtgttga agaaacttag acttcacca 1513
ccagctggca caggtgcaca gattcataaa tteccacacg tgtgtgttca acatctgaaa 1573
cttaggcca gtagagagca tcagggtaaa tggcgttcat ttctctgtta agatgcagcc 1633
atccatgggg agctgagaaa tcagactcaa agttccacca aaaacaaata caaggggact 1693
tcaaaagttc acgaaaaaat tgaattaa gataaaaatt aa 1735

<210> 18
<211> 223
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 18

Met Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala Gly Gly Arg Arg Ala
1 5 10 15

Pro Arg Gly Gly Arg Gly Ser Pro Tyr Arg Pro Asp Pro Gly Arg Gly
20 25 30

Ala Arg Arg Leu Arg Arg Phe Gln Lys Gly Gly Glu Gly Ala Pro Arg
35 40 45

Ala Asp Pro Pro Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu

50 55 60

Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
65 70 75 80

Ala Arg Gln Arg Asp Pro Glu Asp Ser Gln Arg Thr Asp Glu Gly Asp
85 90 95

Asn Arg Val Trp Cys His Val Cys Glu Arg Glu Asn Thr Phe Glu Cys
100 105 110

Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala
115 120 125

Ala Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser
130 135 140

Ala Gly Cys Ala Ala Met Glu Arg Pro Lys Pro Glu Glu Lys Arg Phe
145 150 155 160

Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile
165 170 175

Arg Tyr Cys Asn Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val Phe Lys
180 185 190

Glu Tyr Ala Gly Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu Trp Leu Ala
195 200 205

Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu Ser Leu Ser
210 215 220

<210> 19

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 19

Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met
1 5

<210> 20
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 20

Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu
1 5

<210> 21
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 21

Val Phe Arg Glu Ala Glu Val Thr Leu
1 5

<210> 22
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 22

Leu Tyr Val Glu Val Thr Asn Glu Ala
1 5

<210> 23

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 23

Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn
1 5

<210> 24

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 24

Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val
1 5

<210> 25

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 25

Arg Ser Leu Lys Glu Arg Asn Pro Leu

1 5

<210> 26
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 26

Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu
 1 5

<210> 27
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 27

Lys Gly Gly Phe Ile Leu Pro Val Leu
 1 5

<210> 28
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 28

Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser
 1 5

<210> 29
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 29

Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe
1 5

<210> 30
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 30

Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe
1 5 10

<210> 31
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 31

Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser Ile
1 5 10

<210> 32
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 32

Leu Phe Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu
1 5 10

<210> 33

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 33

Asp Phe Glu Ala Lys Asn Gln His Thr Leu
1 5 10

<210> 34

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 34

Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn Ala
1 5 10

<210> 35

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 35

Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val Ser
 1 5 10

<210> 36

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 36

Arg Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu
 1 5 10

<210> 37

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 37

Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 38

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 38

Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 39

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 39

Cys Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu
 1 5 10

<210> 40

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 40

Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu
 1 5

<210> 41

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 41

Arg Tyr Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu

1 5

<210> 42
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 42

Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu
 1 5

<210> 43
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 43

His Tyr Thr Pro Gln Gln Asn Gly Leu
 1 5

<210> 44
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 44

Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu
 1 5

<210> 45
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 45

Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu
1 5

<210> 46
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 46

Lys Phe Gly Gln Ile Val Asn Met Leu
1 5

<210> 47
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 47

Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly Lys Ile
1 5

<210> 48
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 48

Lys Tyr Asn Pro Asn Pro Asp Gln Ser
1 5

<210> 49

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 49

Arg Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu
1 5

<210> 50

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 50

Lys Tyr Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val
1 5

<210> 51

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 51

Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu
1 5

<210> 52

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 52

Arg Tyr Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala
1 5

<210> 53

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 53

Lys Ala Ile Glu Glu Gly Tyr Arg Leu
1 5

<210> 54

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 54

Lys Tyr Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala
1 5

<210> 55

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 55

Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile
1 5

<210> 56

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 56

Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
1 5

<210> 57

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 57

Arg Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu

1 5

<210> 58
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 58

Lys Cys Pro Leu Thr Val Arg Asn Leu
 1 5

<210> 59
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 59

Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys Cys
 1 5

<210> 60
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 60

Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu Leu
 1 5 10

<210> 61
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 61

Met Tyr Cys Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu
 1 5 10

<210> 62
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 62

Gly Tyr Thr Asp Lys Gln Arg Arg Asp Phe
 1 5 10

<210> 63
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 63

Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe
 1 5 10

<210> 64
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 64

Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu
1 5 10

<210> 65

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 65

Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Asp Met
1 5 10

<210> 66

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 66

Ile Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu
1 5 10

<210> 67

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> SYGIVMWEVM

<400> 67

Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu Val Met
 1 5 10

<210> 68

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 68

Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu
 1 5 10

<210> 69

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 69

Lys Tyr Asn Pro Asn Pro Asp Gln Ser Val
 1 5 10

<210> 70

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 70

Asn Phe Thr Ala Ala Gly Tyr Thr Thr Leu
 1 5 10

<210> 71

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 71

Gln Phe Asp His Pro Asn Ile Ile His Leu
 1 5 10

<210> 72

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 72

Ala Phe Leu Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe
 1 5 10

<210> 73

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 73

Lys Gln Glu Ala Asp Glu Glu Lys His Leu

1 5 10

<210> 74
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 74

Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu
 1 5 10

<210> 75
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 75

Arg Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu
 1 5 10

<210> 76
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 76

Ser Tyr Val Phe His Val Arg Ala Arg Thr
 1 5 10

<210> 77
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 77

Glu Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
 1 5 10

<210> 78
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 78

Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu
 1 5 10

<210> 79
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 79

Glu Tyr Met Glu Asn Gly Ser Leu Asp Ala
 1 5 10

<210> 80
 <211> 9
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 80

Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe
1 5

<210> 81

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 81

Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu
1 5

<210> 82

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequ

<400> 82

Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe
1 5

<210> 83

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 83

Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile
1 5

<210> 84

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 84

Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe
1 5

<210> 85

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 85

Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile
1 5

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 86

Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu
1 5

<210> 87

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 87

Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu
1 5

<210> 88

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 88

Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu
1 5

<210> 89

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 89

Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu

1 5

<210> 90
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 90

Lys Gln Glu Glu Leu Ile Lys Ala Leu
 1 5

<210> 91
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 91

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu
 1 5

<210> 92
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 92

Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu
 1 5

<210> 93
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 93

Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu
1 5

<210> 94
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 94

Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe
1 5

<210> 95
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 95

Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu
1 5

<210> 96
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 96

Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr
1 5

<210> 97

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 97

Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe
1 5

<210> 98

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 98

Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu
1 5 10

<210> 99

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 99

Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile
 1 5 10

<210> 100

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 100

Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile
 1 5 10

<210> 101

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 101

Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu
 1 5 10

<210> 102

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 102

Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu
1 5 10

<210> 103

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 103

Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu
1 5 10

<210> 104

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 104

Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys
1 5 10

<210> 105

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 105

Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe

1 5 10

<210> 106
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 106

Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Leu
 1 5 10

<210> 107
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 107

Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu
 1 5 10

<210> 108
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 108

Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr
 1 5 10

<210> 109
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 109

Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu
1 5 10

<210> 110
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 110

Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
1 5

<210> 111
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 111

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu
1 5

<210> 112
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 112

Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5 10

<210> 113

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 113

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu Leu
1 5 10

<210> 114

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 114

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5

<210> 115

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 115

Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val
1 5

<210> 116

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 116

Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val
1 5

<210> 117

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 117

Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val
1 5

<210> 118

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 118

Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5

<210> 119

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 119

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu
1 5

<210> 120

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 120

Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu
1 5

<210> 121

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 121

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu

1 5 10

<210> 122
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 122

Val Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val
 1 5 10

<210> 123
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 123

Gly Leu Leu Glu Ser Pro Ser Pro Gly Thr
 1 5 10

<210> 124
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 124

Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr
 1 5 10

<210> 125
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 125

Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val
1 5 10

<210> 126
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 126

Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val Met
1 5 10

<210> 127
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 127

Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
1 5 10

<210> 128
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 128

Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val
1 5 10

<210> 129

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 129

Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile
1 5

<210> 130

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An artifically synthesized peptide sequence

<400> 130

Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
1 5

<210> 131

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 131

Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu
1 5

<210> 132

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 132

Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val
1 5

<210> 133

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 133

Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu
1 5 10

<210> 134

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 134

Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
1 5 10

<210> 135

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 135

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5 10

<210> 136

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> DFLEAVKRHI

<400> 136

Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile
1 5 10

<210> 137

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 137

Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu

1 5 10

<210> 138
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 138

Arg Pro Phe Val Val Val Gln Ala Arg Leu
 1 5 10

<210> 139
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 139

Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala
 1 5 10

<210> 140
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 140

Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu
 1 5

<210> 141
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 141

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
1 5

<210> 142
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 142

Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
1 5

<210> 143
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 143

Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
1 5

<210> 144
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 144

Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
1 5

<210> 145

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 145

Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5

<210> 146

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 146

Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg Ile
1 5

<210> 147

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 147

Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
1 5

<210> 148

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 148

Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val
1 5

<210> 149

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 149

Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile
1 5

<210> 150

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 150

Arg Val Ser Glu Ile Ile Ser Phe Ala
1 5

<210> 151

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 151

Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu
1 5

<210> 152

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 152

Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu
1 5

<210> 153

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 153

Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu

1 5

<210> 154
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 154

Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val
 1 5 10

<210> 155
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 155

Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln Phe Phe Ile
 1 5 10

<210> 156
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 156

Ala Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
 1 5 10

<210> 157
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 157

Met Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile
 1 5 10

<210> 158
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 158

Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 159
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 159

Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 160
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 160

Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
1 5 10

<210> 161

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 161

Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile Ile
1 5 10

<210> 162

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 162

Gln Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val
1 5 10

<210> 163

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 163

Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu
1 5 10

<210> 164

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 164

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5 10

<210> 165

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 165

Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val Asn Ser Cys
1 5 10

<210> 166

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 166

Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile
1 5 10

<210> 167

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 167

Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val
1 5 10

<210> 168

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 168

Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu
1 5

<210> 169

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> MYEEKLNIL

<400> 169

Met Tyr Glu Glu Lys Leu Asn Ile Leu

1 5

<210> 170
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 170

Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu
1 5

<210> 171
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 171

Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser Gln Leu
1 5

<210> 172
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 172

Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu
1 5

<210> 173
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 173

Ile Phe Asn Ser Leu Gln Gly Gln Leu
1 5

<210> 174
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 174

Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu
1 5

<210> 175
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 175

Met Phe Glu Ser Thr Ala Ala Asp Leu
1 5

<210> 176
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 176

Ser Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu
1 5

<210> 177

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 177

Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser Phe Phe
1 5

<210> 178

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 178

Ile Phe Ser Ile Arg Ile Leu His Leu
1 5

<210> 179

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 179

Lys Ile Glu Glu Leu Glu Ala Leu Leu
1 5

<210> 180

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 180

Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu
1 5

<210> 181

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 181

Lys Leu Gln Gln Cys Lys Ala Glu Leu
1 5

<210> 182

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 182

Phe Thr Ile Asp Val Asp Lys Lys Leu
1 5

<210> 183

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 183

Gln Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu
1 5

<210> 184

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 184

Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu Leu
1 5 10

<210> 185

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 185

Arg Ser Leu Ala Leu Ile Phe Asn Ser Leu

1 5 10

<210> 186
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 186

Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu
 1 5 10

<210> 187
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 187

Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu Gln Lys Leu
 1 5 10

<210> 188
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 188

Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu
 1 5 10

<210> 189
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 189

Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys Leu Ser Leu
 1 5 10

<210> 190
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 190

Arg Val Arg Pro Leu Leu Pro Ser Glu Leu
 1 5 10

<210> 191
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 191

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu
 1 5 10

<210> 192
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 192

Arg Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu Val Leu
1 5 10

<210> 193

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 193

Lys Asn Gln Ser Phe Ala Ser Thr His Leu
1 5 10

<210> 194

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 194

Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu
1 5 10

<210> 195

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 195

Asp Ser Met Glu Lys Val Lys Val Tyr Leu
1 5 10

<210> 196

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 196

Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu
1 5

<210> 197

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 197

Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu Leu
1 5

<210> 198

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 198

Glu Tyr His Lys Leu Ala Arg Lys Leu
1 5

<210> 199

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 199

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Thr Lys Phe
1 5

<210> 200

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 200

Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile
1 5

<210> 201

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 201

Lys Tyr Ala Arg Gly Lys Glu Ala Ile

1 5

<210> 202
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 202

Asp Phe Leu Lys Ile Phe Thr Phe Leu
 1 5

<210> 203
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 203

Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu
 1 5

<210> 204
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 204

Leu Phe Asn Val Asp Ala Phe Lys Leu
 1 5

<210> 205
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 205

Ser Phe Asp Glu Met Asn Ala Glu Leu
1 5

<210> 206
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 206

Ile Phe Thr Phe Leu Tyr Gly Phe Leu
1 5

<210> 207
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 207

Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile
1 5

<210> 208
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 208

Arg Ile Asn His Glu Arg Asn Glu Leu
1 5

<210> 209

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 209

Ser Phe Met Ser Gly Ala Asp Ser Phe
1 5

<210> 210

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 210

Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr Pro Phe
1 5

<210> 211

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 211

Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr
1 5

<210> 212

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 212

Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met Gly Leu
1 5

<210> 213

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 213

Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu
1 5

<210> 214

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 214

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu
1 5 10

<210> 215

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 215

Glu Tyr Glu Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu
1 5 10

<210> 216

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 216

Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg Ile
1 5 10

<210> 217

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 217

Asp Tyr Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe

1 5 10

<210> 218
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 218

Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe
 1 5 10

<210> 219
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 219

Ala Phe Ile Gln Gln Cys Ile Arg Gln Leu
 1 5 10

<210> 220
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 220

Arg Ser Gln Asp Val Asn Lys Gln Gly Leu
 1 5 10

<210> 221
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 221

Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu
 1 5 10

<210> 222
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 222

Arg Gly Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu
 1 5 10

<210> 223
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 223

Arg Ala Leu Asn Glu Gln Ile Ala Arg Leu
 1 5 10

<210> 224
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 224

Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr
1 5 10

<210> 225

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 225

Glu Thr Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu
1 5 10

<210> 226

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 226

Leu Leu Glu Ser Thr Val Asn Gln Gly Leu
1 5 10

<210> 227

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 227

Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val
1 5

<210> 228

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 228

Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val
1 5

<210> 229

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 229

Asn Met Leu Glu Ala Val His Thr Ile
1 5

<210> 230

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 230

Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys Asp Val
1 5

<210> 231

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 231

Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu
1 5

<210> 232

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 232

Tyr Val Leu Gly Gln Leu Val Gly Leu
1 5

<210> 233

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 233

Ser Leu Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met

1 5

<210> 234
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 234

Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val
1 5

<210> 235
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 235

Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val
1 5

<210> 236
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 236

Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu
1 5

<210> 237
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 237

Ser Leu Leu Ala Lys Leu Glu Glu Thr
1 5

<210> 238
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 238

Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
1 5

<210> 239
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 239

Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile
1 5

<210> 240
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 240

Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala
1 5

<210> 241

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 241

Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys Gln Leu
1 5

<210> 242

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 242

Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val
1 5

<210> 243

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 243

Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile
1 5

<210> 244

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 244

Phe Ala Phe Val His Ile Ser Phe Ala
1 5

<210> 245

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 245

Cys Glu Leu Arg Asn Leu Lys Ser Val
1 5

<210> 246

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 246

Ser Ile Leu Lys Ala Ala Lys Thr Leu
1 5

<210> 247

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 247

Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser Val
1 5 10

<210> 248

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 248

Asn Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys Asp Val
1 5 10

<210> 249

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 249

Phe Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu

1 5 10

<210> 250
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 250

Thr Thr Phe Glu Gln Pro Val Phe Ser Val
 1 5 10

<210> 251
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 251

Val Leu Asn Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala
 1 5 10

<210> 252
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 252

Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile
 1 5 10

<210> 253
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 253

Leu Leu Ser Glu Glu Glu Lys Lys Asn Leu
 1 5 10

<210> 254
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 254

Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val Val
 1 5 10

<210> 255
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 255

Met Met Ala Asn Asn Pro Glu Asp Trp Leu
 1 5 10

<210> 256
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 256

Met Val Met Glu Cys Gly Asn Ile Asp Leu
1 5 10

<210> 257

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 257

Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met
1 5 10

<210> 258

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 258

Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala Ile
1 5 10

<210> 259

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 259

Asn	Gln	Met	Gln	Pro	Asp	Thr	Thr	Ser	Val
1			5						10

<210> 260

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 260

Gln	Ile	Leu	Ala	Thr	Pro	Leu	Gln	Asn	Leu
1			5						10

<210> 261

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 261

Leu	Ile	Val	Asp	Gly	Met	Leu	Lys	Leu	Ile
1			5						10

<210> 262

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 262

Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys Gln Leu Leu
 1 5 10

<210> 263

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 263

Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val
 1 5 10

<210> 264

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 264

Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val
 1 5 10

<210> 265

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequenc

<400> 265

Leu Thr Ile Asp Ser Ile Met Asn Lys Val

1 5 10

<210> 266
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 266

Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile
 1 5 10

<210> 267
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 267

Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val
 1 5

<210> 268
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 268

Gly Leu Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu
 1 5

<210> 269
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 269

Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val
 1 5

<210> 270
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 270

Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val
 1 5

<210> 271
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 271

Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu Leu Ala
 1 5

<210> 272
 <211> 9
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 272

Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu
1 5

<210> 273

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 273

Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala
1 5

<210> 274

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 274

Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser Ala
1 5

<210> 275

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 275

Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu
1 5

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 276

Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val
1 5

<210> 277

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 277

Ala Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile
1 5

<210> 278

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 278

Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala
1 5

<210> 279

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 279

Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu
1 5

<210> 280

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 280

Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala
1 5

<210> 281

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 281

Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr

1 5

<210> 282
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 282

Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
 1 5

<210> 283
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 283

Phe Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe
 1 5

<210> 284
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 284

Leu Ala Leu Leu Val Val Ala Leu
 1 5

<210> 285
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 285

Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu
 1 5

<210> 286
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 286

Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val
 1 5 10

<210> 287
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 287

Gly Leu Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 288
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 288

Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu
1 5 10

<210> 289

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 289

Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val
1 5 10

<210> 290

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 290

Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala Leu
1 5 10

<210> 291

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 291

Phe Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe
 1 5 10

<210> 292

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 292

Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala
 1 5 10

<210> 293

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 293

Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala
 1 5 10

<210> 294

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 294

Ala Leu Leu Ala Leu Leu Val Val Ala
1 5 10

<210> 295

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 295

Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr
1 5 10

<210> 296

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 296

Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val
1 5 10

<210> 297

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 297

Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala

1 5 10

<210> 298
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 298

Cys Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr
 1 5 10

<210> 299
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 299

Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr Ala
 1 5 10

<210> 300
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 300

Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu
 1 5 10

<210> 301
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 301

Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala Ala Val
 1 5 10

<210> 302
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 302

Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu
 1 5 10

<210> 303
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 303

Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val
 1 5 10

<210> 304
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 304

Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile Arg Tyr Cys
1 5 10

<210> 305

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 305

Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val
1 5 10

<210> 306

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 306

Lys Ile Phe Pro Ser Lys Arg Ile Leu
1 5

<210> 307

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 307

Arg Gly Ser Val Leu Glu Gly Val Leu
1 5

<210> 308

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 308

Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu
1 5

<210> 309

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 309

Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu
1 5

<210> 310

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 310

Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu
1 5

<210> 311

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 311

Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu
1 5

<210> 312

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 312

Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val His Leu
1 5

<210> 313

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 313

Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala

1 5

<210> 314
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 314

Gly Trp Leu Leu Leu Asn Lys Pro Leu
 1 5

<210> 315
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 315

Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu
 1 5

<210> 316
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 316

Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu Leu
 1 5

<210> 317
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 317

Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu
1 5

<210> 318
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 318

Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu
1 5

<210> 319
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 319

Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu
1 5

<210> 320
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 320

Ala Val Leu Ala Leu Phe Leu Leu
1 5

<210> 321

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 321

Asp Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu
1 5

<210> 322

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 322

Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu
1 5

<210> 323

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 323

Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu
1 5

<210> 324

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 324

Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu
1 5

<210> 325

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 325

Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu
1 5

<210> 326

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 326

Leu Leu Leu Leu Gln Val Cys Trp Leu
1 5

<210> 327

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 327

Gly Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala Leu
1 5

<210> 328

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 328

Glu Tyr Thr Leu Thr Ile Gln Ala Thr
1 5

<210> 329

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 329

Glu Thr Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu

1 5

<210> 330
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 330

Ser Tyr Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala
 1 5

<210> 331
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 331

Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu
 1 5

<210> 332
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 332

Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu
 1 5

<210> 333
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 333

Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu
1 5

<210> 334
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 334

His Pro Glu Ser Asn Gln Gly Ile Leu
1 5

<210> 335
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 335

Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu
1 5

<210> 336
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 336

Glu Gly Asp Thr Val Val Leu Ser Leu
1 5

<210> 337

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 337

Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu
1 5

<210> 338

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 338

Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu
1 5

<210> 339

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 339

Glu Trp Gly Ser Arg Phe Lys Lys Leu
1 5

<210> 340

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 340

Lys Val Val Glu Val Gln Glu Gly Ile
1 5

<210> 341

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 341

Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu Ser
1 5

<210> 342

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 342

Phe Tyr Ser Ile Thr Gly Pro Gly Ala
1 5

<210> 343

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 343

Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala
1 5

<210> 344

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 344

Phe Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu
1 5 10

<210> 345

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 345

Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu

1 5 10

<210> 346
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 346

Gly Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu
 1 5 10

<210> 347
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 347

Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala Ala
 1 5 10

<210> 348
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 348

Thr Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu
 1 5 10

<210> 349
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 349

Phe Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 350
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 350

Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu
 1 5 10

<210> 351
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 351

Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro His Asp Leu
 1 5 10

<210> 352
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 352

Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu
1 5 10

<210> 353

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 353

Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly Gln Ala Leu
1 5 10

<210> 354

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 354

Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu
1 5 10

<210> 355

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 355

Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr Val Val Leu
1 5 10

<210> 356

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 356

Asn Ala Val Gly His Glu Val Gln Arg Leu
1 5 10

<210> 357

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 357

Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu Lys Leu
1 5 10

<210> 358

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 358

Glu Asn Gln Lys Ile Ser Tyr Arg Ile Leu
 1 5 10

<210> 359

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 359

Ser Leu Leu Leu Leu Gln Val Cys Trp Leu
 1 5 10

<210> 360

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 360

Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val Leu
 1 5 10

<210> 361

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 361

Glu Val Gln Arg Leu Thr Val Thr Asp Leu

1 5 10

<210> 362
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 362

Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu
 1 5 10

<210> 363
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 363

Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu
 1 5 10

<210> 364
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 364

Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu
 1 5 10

<210> 365
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 365

Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu
 1 5 10

<210> 366
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 366

Ser Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu
 1 5 10

<210> 367
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 367

Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu
 1 5 10

<210> 368
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 368

Ser Pro Pro Thr Thr Gly Thr Gly Thr Leu
1 5 10

<210> 369

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 369

Asn Ser Pro Ala Trp Arg Ala Thr Tyr Leu
1 5 10

<210> 370

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 370

Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu Asn Gln Leu
1 5 10

<210> 371

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 371

Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu
 1 5 10

<210> 372

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 372

Thr Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu
 1 5 10

<210> 373

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 373

Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr
 1 5 10

<210> 374

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 374

Asp Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser
1 5 10

<210> 375

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 375

Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe Gly Ile
1 5

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 376

Gly Leu Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val
1 5

<210> 377

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 377

Cys Leu Phe Gly Ile Cys Asp Ala Val

1 5

<210> 378
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 378

Gln Met His Gly Arg Met Val Pro Val
 1 5

<210> 379
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 379

Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Asp Val
 1 5

<210> 380
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 380

Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
 1 5

<210> 381
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 381

Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu
1 5

<210> 382
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 382

Val Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe Val
1 5

<210> 383
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 383

Val Met Trp Glu Val Met Ser Tyr Gly
1 5

<210> 384
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 384

Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu
1 5

<210> 385

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 385

Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu Val
1 5

<210> 386

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 386

Thr Thr Leu Glu Ala Val Val His Val
1 5

<210> 387

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 387

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5

<210> 388

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 388

Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr
1 5

<210> 389

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 389

Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu Leu
1 5

<210> 390

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 390

Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5

<210> 391

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 391

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5 10

<210> 392

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 392

Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu
1 5 10

<210> 393

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 393

Leu Ala Asn Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu

1 5 10

<210> 394
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 394

Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
 1 5 10

<210> 395
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 395

Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val
 1 5

<210> 396
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 396

Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu
 1 5

<210> 397
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 397

Arg Ser Gly Trp His Thr Phe Pro Leu
1 5

<210> 398
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 398

Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu
1 5

<210> 399
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 399

Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser
1 5

<210> 400
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 400

Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
1 5

<210> 401

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 401

Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu
1 5

<210> 402

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 402

Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu
1 5

<210> 403

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 403

Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu
1 5

<210> 404

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 404

Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala
1 5

<210> 405

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 405

Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
1 5

<210> 406

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 406

Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu
1 5

<210> 407

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 407

Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile
1 5

<210> 408

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 408

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
1 5

<210> 409

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 409

Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu

1 5

<210> 410
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 410

Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
 1 5

<210> 411
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 411

Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser
 1 5

<210> 412
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 412

Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
 1 5 10

<210> 413
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 413

Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu
 1 5 10

<210> 414
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 414

Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
 1 5 10

<210> 415
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 415

Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile Val
 1 5 10

<210> 416
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 416

Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu
1 5 10

<210> 417

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 417

Arg Thr Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln Phe
1 5 10

<210> 418

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 418

Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu
1 5 10

<210> 419

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 419

Val Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu
1 5 10

<210> 420

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 420

Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
1 5 10

<210> 421

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 421

Val Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu
1 5 10

<210> 422

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 422

Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu
1 5 10

<210> 423

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 423

Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu
1 5 10

<210> 424

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 424

Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr
1 5 10

<210> 425

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 425

Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu

1 5 10

<210> 426
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 426

Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
 1 5 10

<210> 427
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 427

Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile Leu
 1 5 10

<210> 428
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 428

Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr Leu
 1 5 10

<210> 429
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 429

Ala Val Lys Arg His Ile Leu Ser Arg Leu
 1 5 10

<210> 430
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 430

Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu
 1 5 10

<210> 431
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 431

Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser
 1 5 10

<210> 432
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 432

Leu Tyr Phe Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn
 1 5 10

<210> 433

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 433

Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys
 1 5 10

<210> 434

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 434

Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala
 1 5

cccgtgtag ccgctgtgg gaggacgcac gggcctgctt caaagcttg ggataacagc 60

gcctccgggg gataatgaat gcgagcctc cgttttcagt cgacttcaga tgtgtctcca 120

ctttttccg ctgtagccgc aaggcaagga aacatttctc ttcccgtact gaggaggctg	180
aggagtgcac tgggtgttct tttctcctct aaccagaac tgcgagacag aggctgagtc	240
cctgtaaaga acagctccag aaaagccagg agagcgcagg agggcatccg ggaggccagg	300
aggggttcgc tggggctca accgcacca catcggtccc acctgcgagg gggcgggacc	360
tcgtggcgt ggaccaatca gcaccacct gcgtcacct ggctcctcc cgtggctcc	420
cggggctgc ggtgctcaa gggcaagag ctgagcggaa caccggccc cgtcgcggc	480
agctgttca cccctctctc tgcagcc atg ggg ctc cct cgt gga cct ctc gcg	534
Met Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala	
1 5	
tct ctc ctc ctt ctc cag gtt tgc tgg ctg cag tgc gcg gcc tcc gag	582
Ser Leu Leu Leu Leu Gln Val Cys Trp Leu Gln Cys Ala Ala Ser Glu	
10 15 20 25	
ccg tgc cgg gcg gtc ttc agg gag gct gaa gtg acc ttg gag gcg gga	630
Pro Cys Arg Ala Val Phe Arg Glu Ala Glu Val Thr Leu Glu Ala Gly	
30 35 40	
ggc gcg gag cag gag ccc ggc cag gcg ctg ggg aaa gta ttc atg ggc	678
Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly Gln Ala Leu Gly Lys Val Phe Met Gly	
45 50 55	
tgc cct ggg caa gag cca get ctg ttt agc act gat aat gat gac ttc	726
Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe	
60 65 70	
act gtg cgg aat ggc gag aca gtc cag gaa aga agg tca ctg aag gaa	774
Thr Val Arg Asn Gly Glu Thr Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu Lys Glu	
75 80 85	
agg aat cca ttg aag atc ttc cca tcc aaa cgt atc tta cga aga cac	822
Arg Asn Pro Leu Lys Ile Phe Pro Ser Lys Arg Ile Leu Arg Arg His	
90 95 100 105	
aag aga gat tgg gtg gtt gct cca ata tct gtc cct gaa aat ggc aag	870
Lys Arg Asp Trp Val Val Ala Pro Ile Ser Val Pro Glu Asn Gly Lys	
110 115 120	

ggt ccc ttc ccc cag aga ctg aat cag ctc aag tct aat aaa gat aga 918
 Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu Asn Gln Leu Lys Ser Asn Lys Asp Arg
 125 130 135

gac acc aag att ttc tac agc atc acg ggg ccg ggg gca gac agc ccc 966
 Asp Thr Lys Ile Phe Tyr Ser Ile Thr Gly Pro Gly Ala Asp Ser Pro
 140 145 150

cct gag ggt gtc ttc gct gta gag aag gag aca ggc tgg ttg ttg ttg 1014
 Pro Glu Gly Val Phe Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu Leu
 155 160 165

aat aag cca ctg gac cgg gag gag att gcc aag tat gag ctc ttt ggc 1062
 Asn Lys Pro Leu Asp Arg Glu Glu Ile Ala Lys Tyr Glu Leu Phe Gly
 170 175 180 185

cac gct gtg tca gag aat ggt gcc tca gtg gag gac ccc atg aac atc 1110
 His Ala Val Ser Glu Asn Gly Ala Ser Val Glu Asp Pro Met Asn Ile
 190 195 200

tcc atc atc gtg acc gac cag aat gac cac aag ccc aag ttt acc cag 1158
 Ser Ile Ile Val Thr Asp Gln Asn Asp His Lys Pro Lys Phe Thr Gln
 205 210 215

gac acc ttc cga ggg agt gtc tta gag gga gtc cta cca ggt act tet 1206
 Asp Thr Phe Arg Gly Ser Val Leu Glu Gly Val Leu Pro Gly Thr Ser
 220 225 230

gtg atg cag gtg aca gcc acg gat gag gat gat gcc atc tac acc tac 1254
 Val Met Gln Val Thr Ala Thr Asp Glu Asp Asp Ala Ile Tyr Thr Tyr
 235 240 245

aat ggg gtg gtt gct tac tcc atc cat agc caa gaa cca aag gac cca 1302
 Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser Ile His Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro
 250 255 260 265

cac gac ctc atg ttc acc att cac cgg agc aca ggc acc atc agc gtc 1350
 His Asp Leu Met Phe Thr Ile His Arg Ser Thr Gly Thr Ile Ser Val
 270 275 280

atc tcc agt ggc ctg gac cgg gaa aaa gtc cct gag tac aca ctg acc 1398
 Ile Ser Ser Gly Leu Asp Arg Glu Lys Val Pro Glu Tyr Thr Leu Thr
 285 290 295

atc cag gcc aca gac atg gat ggg gac ggc tcc acc acc acg gca gtg 1446
 Ile Gln Ala Thr Asp Met Asp Gly Asp Gly Ser Thr Thr Thr Ala Val
 300 305 310

gca gta gtg gag atc ctt gat gcc aat gac aat gct ccc atg ttt gac 1494
 Ala Val Val Glu Ile Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro Met Phe Asp
 315 320 325

ccc cag aag tac gag gcc cat gtg cct gag aat gca gtg ggc cat gag 1542
 Pro Gln Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn Ala Val Gly His Glu
 330 335 340 345

gtg cag agg ctg acg gtc act gat ctg gac gcc ccc aac tca cca gcg 1590
 Val Gln Arg Leu Thr Val Thr Asp Leu Asp Ala Pro Asn Ser Pro Ala
 350 355 360

tgg cgt gcc acc tac ctt atc atg ggc ggt gac gac ggg gac cat ttt 1638
 Trp Arg Ala Thr Tyr Leu Ile Met Gly Gly Asp Asp Gly Asp His Phe
 365 370 375

acc atc acc acc cac cct gag agc aac cag ggc atc ctg aca acc agg 1686
 Thr Ile Thr Thr His Pro Glu Ser Asn Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg
 380 385 390

aag ggt ttg gat ttt gag gcc aaa aac cag cac acc ctg tac gtt gaa 1734
 Lys Gly Leu Asp Phe Glu Ala Lys Asn Gln His Thr Leu Tyr Val Glu
 395 400 405

gtg acc aac gag gcc cct ttt gtg ctg aag ctc cca acc tcc aca gcc 1782
 Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu Lys Leu Pro Thr Ser Thr Ala
 410 415 420 425

acc ata gtg gtc cac gtg gag gat gtg aat gag gca cct gtg ttt gtc 1830
 Thr Ile Val Val His Val Glu Asp Val Asn Glu Ala Pro Val Phe Val
 430 435 440

cca ccc tcc aaa gtc gtt gag gtc cag gag ggc atc ccc act ggg gag 1878
 Pro Pro Ser Lys Val Val Glu Val Gln Glu Gly Ile Pro Thr Gly Glu
 445 450 455

cct gtg tgt gtc tac act gca gaa gac cct gac aag gag aat caa aag 1926
 Pro Val Cys Val Tyr Thr Ala Glu Asp Pro Asp Lys Glu Asn Gln Lys
 460 465 470

atc agc tac cgc atc ctg aga gac cca gca ggg tgg cta gcc atg gac 1974
 Ile Ser Tyr Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala Gly Trp Leu Ala Met Asp
 475 480 485

cca gac agt ggg cag gtc aca gct gtg ggc acc ctc gac cgt gag gat 2022
 Pro Asp Ser Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu Asp Arg Glu Asp
 490 495 500 505

gag cag ttt gtg agg aac aac atc tat gaa gtc atg gtc ttg gcc atg 2070
 Glu Gln Phe Val Arg Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met
 510 515 520

gac aat gga agc cct ccc acc act ggc acg gga acc ctt ctg cta aca 2118
 Asp Asn Gly Ser Pro Pro Thr Thr Gly Thr Gly Thr Leu Leu Leu Thr
 525 530 535

ctg att gat gtc aat gac cat ggc cca gtc cct gag ccc cgt cag atc 2166
 Leu Ile Asp Val Asn Asp His Gly Pro Val Pro Glu Pro Arg Gln Ile
 540 545 550

acc atc tgc aac caa agc cct gtg cgc cag gtg ctg aac atc acg gac 2214
 Thr Ile Cys Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp
 555 560 565

aag gac ctg tct ccc cac acc tcc cct ttc cag gcc cag ctc aca gat 2262
 Lys Asp Leu Ser Pro His Thr Ser Pro Phe Gln Ala Gln Leu Thr Asp
 570 575 580 585

gac tca gac atc tac tgg acg gca gag gtc aac gag gaa ggt gac aca 2310
 Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Thr Ala Glu Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr
 590 595 600

gtg gtc ttg tcc ctg aag aag ttc ctg aag cag gat aca tat gac gtg 2358
 Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val
 605 610 615

cac ctt tct ctg tct gac cat ggc aac aaa gag cag ctg acg gtg atc 2406
 His Leu Ser Leu Ser Asp His Gly Asn Lys Glu Gln Leu Thr Val Ile
 620 625 630

agg gcc act gtg tgc gac tgc cat ggc cat gtc gaa acc tgc cct gga 2454
 Arg Ala Thr Val Cys Asp Cys His Gly His Val Glu Thr Cys Pro Gly
 635 640 645

ccc tgg aag gga ggt ttc atc ctc cct gtg ctg ggg gct gtc ctg gct Pro Trp Lys Gly Gly Phe Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala 650 655 660 665	2502
ctg ctg ttc ctc ctg ctg gtg ctg ctt ttg ttg gtg aga aag aag cgg Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu Val Arg Lys Lys Arg 670 675 680	2550
aag atc aag gag ccc ctc cta ctc cca gaa gat gac acc cgt gac aac Lys Ile Lys Glu Pro Leu Leu Leu Pro Glu Asp Asp Thr Arg Asp Asn 685 690 695	2598
gtc ttc tac tat ggc gaa gag ggg ggt ggc gaa gag gac cag gac tat Val Phe Tyr Tyr Gly Glu Glu Gly Gly Glu Glu Asp Gln Asp Tyr 700 705 710	2646
gac atc acc cag ctc cac cga ggt ctg gag gcc agg ccg gag gtg gtt Asp Ile Thr Gln Leu His Arg Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val 715 720 725	2694
ctc cgc aat gac gtg gca cca acc atc atc ccg aca ccc atg tac cgt Leu Arg Asn Asp Val Ala Pro Thr Ile Ile Pro Thr Pro Met Tyr Arg 730 735 740 745	2742
cct cgg cca gcc aac cca gat gaa atc ggc aac ttt ata att gag aac Pro Arg Pro Ala Asn Pro Asp Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn 750 755 760	2790
ctg aag gcg gct aac aca gac ccc aca gcc ccg ccc tac gac acc ctc Leu Lys Ala Ala Asn Thr Asp Pro Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu 765 770 775	2838
ttg gtg ttc gac tat gag ggc agc ggc tcc gac gcc gcg tcc ctg agc Leu Val Phe Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala Ala Ser Leu Ser 780 785 790	2886
tcc ctc acc tcc tcc gcc tcc gac caa gac caa gat tac gat tat ctg Ser Leu Thr Ser Ser Ala Ser Asp Gln Asp Gln Asp Tyr Asp Tyr Leu 795 800 805	2934
aac gag tgg ggc agc cgc ttc aag aag ctg gca gac atg tac ggt ggc Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe Lys Lys Leu Ala Asp Met Tyr Gly Gly 810 815 820 825	2982

ggg gag gac gac tag gcggcctgcc tgcagggtg gggaccaaac gtcaggccac 3037
 Gly Glu Asp Asp

agagcatctc caaggggtct cagttccccc ttcagctgag gacttcggag cttgtcagga 3097

agtggccgta gcaacttggc ggagacaggc tatgagtctg acgttagagt ggtggcttcc 3157

ttagcctttc aggatggagg aatgtgggca gtttgacttc agcactgaaa acctctccac 3217

ctgggccagg gttgcctcag aggccaagtt tccagaagcc tcttacctgc cgtaaaatgc 3277

tcaacctgt gtctctggcc tggcctgct gtgactgacc tacagtgac tttctctctg 3337

gaatggaacc ttcttaggcc tctgggtgca acttaatttt ttttttaat gctatcttca 3397

aaacgttaga gaaagtctt caaaagtgca gccagagct gctgggccca ctggccgtcc 3457

tgcatttctg gttccagac cccaatgcct cccattcgga tggatctctg cgtttttata 3517

ctgagtgtgc ctaggttgcc ccttattttt tattttccct gttgcgttgc tatagatgaa 3577

gggtgaggac aatcgtgtat atgtactaga actttttat taaagaaact tttccagaa 3637

aaaaaaaaaa aa 3649

<210> 2
 <211> 829
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 2

Met Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu Gln Val
 1 5 10 15

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

Glu Ala Glu Val Thr Leu Glu Ala Gly Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly
 35 40 45

Gln Ala Leu Gly Lys Val Phe Met Gly Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala
 50 55 60

Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe Thr Val Arg Asn Gly Glu Thr
 65 70 75 80

Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu Lys Glu Arg Asn Pro Leu Lys Ile Phe
 85 90 95

Pro Ser Lys Arg Ile Leu Arg Arg His Lys Arg Asp Trp Val Val Ala
 100 105 110

Pro Ile Ser Val Pro Glu Asn Gly Lys Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu
 115 120 125

Asn Gln Leu Lys Ser Asn Lys Asp Arg Asp Thr Lys Ile Phe Tyr Ser
 130 135 140

Ile Thr Gly Pro Gly Ala Asp Ser Pro Pro Glu Gly Val Phe Ala Val
 145 150 155 160

Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu Leu Asn Lys Pro Leu Asp Arg Glu
 165 170 175

Glu Ile Ala Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val Ser Glu Asn Gly
 180 185 190

Ala Ser Val Glu Asp Pro Met Asn Ile Ser Ile Ile Val Thr Asp Gln
 195 200 205

Asn Asp His Lys Pro Lys Phe Thr Gln Asp Thr Phe Arg Gly Ser Val

210 215 220
 Leu Glu Gly Val Leu Pro Gly Thr Ser Val Met Gln Val Thr Ala Thr
 225 230 235 240
 Asp Glu Asp Asp Ala Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser
 245 250 255
 Ile His Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro His Asp Leu Met Phe Thr Ile
 260 265 270
 His Arg Ser Thr Gly Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu Asp Arg
 275 280 285
 Glu Lys Val Pro Glu Tyr Thr Leu Thr Ile Gln Ala Thr Asp Met Asp
 290 295 300
 Gly Asp Gly Ser Thr Thr Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu Asp
 305 310 315 320
 Ala Asn Asp Asn Ala Pro Met Phe Asp Pro Gln Lys Tyr Glu Ala His
 325 330 335
 Val Pro Glu Asn Ala Val Gly His Glu Val Gln Arg Leu Thr Val Thr
 340 345 350
 Asp Leu Asp Ala Pro Asn Ser Pro Ala Trp Arg Ala Thr Tyr Leu Ile
 355 360 365
 Met Gly Gly Asp Asp Gly Asp His Phe Thr Ile Thr Thr His Pro Glu
 370 375 380
 Ser Asn Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu Asp Phe Glu Ala
 385 390 395 400
 Lys Asn Gln His Thr Leu Tyr Val Glu Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe
 405 410 415

Val Leu Lys Leu Pro Thr Ser Thr Ala Thr Ile Val Val His Val Glu
420 425 430

Asp Val Asn Glu Ala Pro Val Phe Val Pro Pro Ser Lys Val Val Glu
435 440 445

Val Gln Glu Gly Ile Pro Thr Gly Glu Pro Val Cys Val Tyr Thr Ala
450 455 460

Glu Asp Pro Asp Lys Glu Asn Gln Lys Ile Ser Tyr Arg Ile Leu Arg
465 470 475 480

Asp Pro Ala Gly Trp Leu Ala Met Asp Pro Asp Ser Gly Gln Val Thr
485 490 495

Ala Val Gly Thr Leu Asp Arg Glu Asp Glu Gln Phe Val Arg Asn Asn
500 505 510

Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met Asp Asn Gly Ser Pro Pro Thr
515 520 525

Thr Gly Thr Gly Thr Leu Leu Leu Thr Leu Ile Asp Val Asn Asp His
530 535 540

Gly Pro Val Pro Glu Pro Arg Gln Ile Thr Ile Cys Asn Gln Ser Pro
545 550 555 560

Val Arg Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu Ser Pro His Thr
565 570 575

Ser Pro Phe Gln Ala Gln Leu Thr Asp Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Thr
580 585 590

Ala Glu Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr Val Val Leu Ser Leu Lys Lys
595 600 605

Phe Leu Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu Ser Asp His
 610 615 620

Gly Asn Lys Glu Gln Leu Thr Val Ile Arg Ala Thr Val Cys Asp Cys
 625 630 635 640

His Gly His Val Glu Thr Cys Pro Gly Pro Trp Lys Gly Gly Phe Ile
 645 650 655

Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val
 660 665 670

Leu Leu Leu Leu Val Arg Lys Lys Arg Lys Ile Lys Glu Pro Leu Leu
 675 680 685

Leu Pro Glu Asp Asp Thr Arg Asp Asn Val Phe Tyr Tyr Gly Glu Glu
 690 695 700

Gly Gly Gly Glu Glu Asp Gln Asp Tyr Asp Ile Thr Gln Leu His Arg
 705 710 715 720

Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val Leu Arg Asn Asp Val Ala Pro
 725 730 735

Thr Ile Ile Pro Thr Pro Met Tyr Arg Pro Arg Pro Ala Asn Pro Asp
 740 745 750

Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu Lys Ala Ala Asn Thr Asp
 755 760 765

Pro Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu Leu Val Phe Asp Tyr Glu Gly
 770 775 780

Ser Gly Ser Asp Ala Ala Ser Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ser Ala Ser
 785 790 795 800

Asp Gln Asp Gln Asp Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe
 805 810 815

Lys Lys Leu Ala Asp Met Tyr Gly Gly Gly Glu Asp Asp
 820 825

<210> 3
 <211> 3107
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (34)..(2994)

<400> 3
 aagcggcagg agcagcgttg gcaccggcga acc atg gct ggg att ttc tat ttc 54
 Met Ala Gly Ile Phe Tyr Phe
 1 5

gcc cta ttt tcg tgt ctc ttc ggg att tgc gac gct gtc aca ggt tcc 102
 Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe Gly Ile Cys Asp Ala Val Thr Gly Ser
 10 15 20

agg gta tac ccc gcg aat gaa gtt acc tta ttg gat tcc aga tct gtt 150
 Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu Leu Asp Ser Arg Ser Val
 25 30 35

cag gga gaa ctt ggg tgg ata gca agc cct ctg gaa gga ggg tgg gag 198
 Gln Gly Glu Leu Gly Trp Ile Ala Ser Pro Leu Glu Gly Gly Trp Glu
 40 45 50 55

gaa gtg agt atc atg gat gaa aaa aat aca cca atc cga acc tac caa 246
 Glu Val Ser Ile Met Asp Glu Lys Asn Thr Pro Ile Arg Thr Tyr Gln
 60 65 70

gtg tgc aat gtg atg gaa ccc agc cag aat aac tgg cta cga act gat 294
 Val Cys Asn Val Met Glu Pro Ser Gln Asn Asn Trp Leu Arg Thr Asp
 75 80 85

tgg atc acc cga gaa ggg gct cag agg gtg tat att gag att aaa ttc 342
 Trp Ile Thr Arg Glu Gly Ala Gln Arg Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe

90	95	100	
acc ttg agg gac tgc aat agt ctt ccg ggc gtc atg ggg act tgc aag			390
Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu Pro Gly Val Met Gly Thr Cys Lys			
105	110	115	
gag acg ttt aac ctg tac tac tat gaa tca gac aac gac aaa gag cgt			438
Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Tyr Glu Ser Asp Asn Asp Lys Glu Arg			
120	125	130	135
ttc atc aga gag aac cag ttt gtc aaa att gac acc att gct gct gat			486
Phe Ile Arg Glu Asn Gln Phe Val Lys Ile Asp Thr Ile Ala Ala Asp			
140	145	150	
gag agc ttc acc caa gtg gac att ggt gac aga atc atg aag ctg aac			534
Glu Ser Phe Thr Gln Val Asp Ile Gly Asp Arg Ile Met Lys Leu Asn			
155	160	165	
acc gag atc cgg gat gta ggg cca tta agc aaa aag ggg ttt tac ctg			582
Thr Glu Ile Arg Asp Val Gly Pro Leu Ser Lys Lys Gly Phe Tyr Leu			
170	175	180	
gct ttt cag gat gtg ggg gcc tgc atc gcc ctg gta tca gtc cgt gtg			630
Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile Ala Leu Val Ser Val Arg Val			
185	190	195	
ttc tat aaa aag tgt cca ctc aca gtc cgc aat ctg gcc cag ttt cct			678
Phe Tyr Lys Lys Cys Pro Leu Thr Val Arg Asn Leu Ala Gln Phe Pro			
200	205	210	215
gac acc atc aca ggg gct gat acg tct tcc ctg gtg gaa gtt cga ggc			726
Asp Thr Ile Thr Gly Ala Asp Thr Ser Ser Leu Val Glu Val Arg Gly			
220	225	230	
tcc tgt gtc aac aac tca gaa gag aaa gat gtg cca aaa atg tac tgt			774
Ser Cys Val Asn Asn Ser Glu Glu Lys Asp Val Pro Lys Met Tyr Cys			
235	240	245	
ggg gca gat ggt gaa tgg ctg gta ccc att ggc aac tgc cta tgc aac			822
Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu Cys Asn			
250	255	260	
gct ggg cat gag gag cgg agc gga gaa tgc caa gct tgc aaa att gga			870
Ala Gly His Glu Glu Arg Ser Gly Glu Cys Gln Ala Cys Lys Ile Gly			

265	270	275	
tat tac aag gct ctc tcc acg gat gcc acc tgt gcc aag tgc cca ccc			918
Tyr Tyr Lys Ala Leu Ser Thr Asp Ala Thr Cys Ala Lys Cys Pro Pro			
280	285	290	295
cac agc tac tct gtc tgg gaa gga gcc acc tcg tgc acc tgt gac cga			966
His Ser Tyr Ser Val Trp Glu Gly Ala Thr Ser Cys Thr Cys Asp Arg			
	300	305	310
ggc ttt ttc aga gct gac aac gat gct gcc tct atg ccc tgc acc cgt			1014
Gly Phe Phe Arg Ala Asp Asn Asp Ala Ala Ser Met Pro Cys Thr Arg			
	315	320	325
cca cca tct gct ccc ctg aac ttg att tca aat gtc aac gag aca tct			1062
Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ile Ser Asn Val Asn Glu Thr Ser			
	330	335	340
gtg aac ttg gaa tgg agt agc cct cag aat aca ggt ggc cgc cag gac			1110
Val Asn Leu Glu Trp Ser Ser Pro Gln Asn Thr Gly Gly Arg Gln Asp			
	345	350	355
att tcc tat aat gtg gta tgc aag aaa tgt gga gct ggt gac ccc agc			1158
Ile Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys Cys Gly Ala Gly Asp Pro Ser			
360	365	370	375
aag tgc cga ccc tgt gga agt ggg gtc cac tac acc cca cag cag aat			1206
Lys Cys Arg Pro Cys Gly Ser Gly Val His Tyr Thr Pro Gln Gln Asn			
	380	385	390
ggc ttg aag acc acc aaa gtc tcc atc act gac ctc cta gct cat acc			1254
Gly Leu Lys Thr Thr Lys Val Ser Ile Thr Asp Leu Leu Ala His Thr			
	395	400	405
aat tac acc ttt gaa atc tgg gct gtg aat gga gtg tcc aaa tat aac			1302
Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Trp Ala Val Asn Gly Val Ser Lys Tyr Asn			
	410	415	420
cct aac cca gac caa tca gtt tct gtc act gtg acc acc aac caa gca			1350
Pro Asn Pro Asp Gln Ser Val Ser Val Thr Val Thr Thr Asn Gln Ala			
	425	430	435
gca cca tca tcc att gct ttg gtc cag gct aaa gaa gtc aca aga tac			1398
Ala Pro Ser Ser Ile Ala Leu Val Gln Ala Lys Glu Val Thr Arg Tyr			

440	445	450	455	
agt gtg gca ctg gct tgg ctg gaa cca gat cgg ccc aat ggg gta atc				1446
Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu Glu Pro Asp Arg Pro Asn Gly Val Ile				
	460	465	470	
ctg gaa tat gaa gtc aag tat tat gag aag gat cag aat gag cga agc				1494
Leu Glu Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Asp Gln Asn Glu Arg Ser				
	475	480	485	
tat cgt ata gtt cgg aca gct gcc agg aac aca gat atc aaa ggc ctg				1542
Tyr Arg Ile Val Arg Thr Ala Ala Arg Asn Thr Asp Ile Lys Gly Leu				
	490	495	500	
aac cct ctc act tcc tat gtt ttc cac gtg cga gcc agg aca gca gct				1590
Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val Phe His Val Arg Ala Arg Thr Ala Ala				
	505	510	515	
ggc tat gga gac ttc agt gag ccc ttg gag gtt aca acc aac aca gtg				1638
Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu Glu Val Thr Thr Asn Thr Val				
	520	525	530	535
cct tcc cgg atc att gga gat ggg gct aac tcc aca gtc ctt ctg gtc				1686
Pro Ser Arg Ile Ile Gly Asp Gly Ala Asn Ser Thr Val Leu Leu Val				
	540	545	550	
tct gtc tcg ggc agt gtg gtg ctg gtg gta att ctc att gca gct ttt				1734
Ser Val Ser Gly Ser Val Val Leu Val Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe				
	555	560	565	
gtc atc agc cgg aga cgg agt aaa tac agt aaa gcc aaa caa gaa gcg				1782
Val Ile Ser Arg Arg Arg Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala				
	570	575	580	
gat gaa gag aaa cat ttg aat caa ggt gta aga aca tat gtg gac ccc				1830
Asp Glu Glu Lys His Leu Asn Gln Gly Val Arg Thr Tyr Val Asp Pro				
	585	590	595	
ttt acg tac gaa gat ccc aac caa gca gtg cga gag ttt gcc aaa gaa				1878
Phe Thr Tyr Glu Asp Pro Asn Gln Ala Val Arg Glu Phe Ala Lys Glu				
	600	605	610	615
att gac gca tcc tgc att aag att gaa aaa gtt ata gga gtt ggt gaa				1926
Ile Asp Ala Ser Cys Ile Lys Ile Glu Lys Val Ile Gly Val Gly Glu				

620	625	630	
ttt ggt gag gta tgc agt ggg cgt ctc aaa gtg cct ggc aag aga gag			1974
Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu Lys Val Pro Gly Lys Arg Glu			
635	640	645	
atc tgt gtg gct atc aag act ctg aaa gct ggt tat aca gac aaa cag			2022
Ile Cys Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys Ala Gly Tyr Thr Asp Lys Gln			
650	655	660	
agg aga gac ttc ctg agt gag gcc agc atc atg gga cag ttt gac cat			2070
Arg Arg Asp Phe Leu Ser Glu Ala Ser Ile Met Gly Gln Phe Asp His			
665	670	675	
ccg aac atc att cac ttg gaa ggc gtg gtc act aaa tgt aaa cca gta			2118
Pro Asn Ile Ile His Leu Glu Gly Val Val Thr Lys Cys Lys Pro Val			
680	685	690	695
atg atc ata aca gag tac atg gag aat ggc tcc ttg gat gca ttc ctc			2166
Met Ile Ile Thr Glu Tyr Met Glu Asn Gly Ser Leu Asp Ala Phe Leu			
700	705	710	
agg aaa aat gat ggc aga ttt aca gtc att cag ctg gtg ggc atg ctt			2214
Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe Thr Val Ile Gln Leu Val Gly Met Leu			
715	720	725	
cgt ggc att ggg tct ggg atg aag tat tta tct gat atg agc tat gtg			2262
Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val			
730	735	740	
cat cgt gat ctg gcc gca cgg aac atc ctg gtg aac agc aac ttg gtc			2310
His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu Val			
745	750	755	
tgc aaa gtg tct gat ttt ggc atg tcc cga gtg ctt gag gat gat ccg			2358
Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Met Ser Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro			
760	765	770	775
gaa gca gct tac acc acc agg ggt ggc aag att cct atc cgg tgg act			2406
Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr			
780	785	790	
gcg cca gaa gca att gcc tat cgt aaa ttc aca tca gca agt gat gta			2454
Ala Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val			

795	800	805	
tgg agc tat gga atc gtt atg tgg gaa gtg atg tcg tac ggg gag agg			2502
Trp Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg			
810	815	820	
ccc tat tgg gat atg tcc aat caa gat gtg att aaa gcc att gag gaa			2550
Pro Tyr Trp Asp Met Ser Asn Gln Asp Val Ile Lys Ala Ile Glu Glu			
825	830	835	
ggc tat cgg tta ccc cct cca atg gac tgc ccc att gcg ctc cac cag			2598
Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp Cys Pro Ile Ala Leu His Gln			
840	845	850	855
ctg atg cta gac tgc tgg cag aag gag agg agc gac agg cct aaa ttt			2646
Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Glu Arg Ser Asp Arg Pro Lys Phe			
860	865	870	
ggg cag att gtc aac atg ttg gac aaa ctc atc cgc aac ccc aac agc			2694
Gly Gln Ile Val Asn Met Leu Asp Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser			
875	880	885	
ttg aag agg aca ggg acg gag agc tcc aga cct aac act gcc ttg ttg			2742
Leu Lys Arg Thr Gly Thr Glu Ser Ser Arg Pro Asn Thr Ala Leu Leu			
890	895	900	
gat cca agc tcc cct gaa ttc tct gct gtg gta tca gtg ggc gat tgg			2790
Asp Pro Ser Ser Pro Glu Phe Ser Ala Val Val Ser Val Gly Asp Trp			
905	910	915	
ctc cag gcc att aaa atg gac cgg tat aag gat aac ttc aca gct gct			2838
Leu Gln Ala Ile Lys Met Asp Arg Tyr Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala			
920	925	930	935
ggt tat acc aca cta gag gct gtg gtg cac gtg aac cag gag gac ctg			2886
Gly Tyr Thr Thr Leu Glu Ala Val Val His Val Asn Gln Glu Asp Leu			
940	945	950	
gca aga att ggt atc aca gcc atc acg cac cag aat aag att ttg agc			2934
Ala Arg Ile Gly Ile Thr Ala Ile Thr His Gln Asn Lys Ile Leu Ser			
955	960	965	
agt gtc cag gca atg cga acc caa atg cag cag atg cac ggc aga atg			2982
Ser Val Gln Ala Met Arg Thr Gln Met Gln Gln Met His Gly Arg Met			

970 975 980

gtt ccc gtc tga gccagtagt aataaactca aaactcttga aattagttta 3034
Val Pro Val
985

cctcatccat gcactttaat tgaagaactg cacttttttt acttcgtctt cgccctctga 3094

aattaaagaa atg 3107

<210> 4
<211> 986
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 4

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

Cys Asp Ala Val Thr Gly Ser Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr
20 25 30

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

Pro Leu Glu Gly Gly Trp Glu Glu Val Ser Ile Met Asp Glu Lys Asn
50 55 60

Thr Pro Ile Arg Thr Tyr Gln Val Cys Asn Val Met Glu Pro Ser Gln
65 70 75 80

Asn Asn Trp Leu Arg Thr Asp Trp Ile Thr Arg Glu Gly Ala Gln Arg
85 90 95

Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu Pro
100 105 110

Gly Val Met Gly Thr Cys Lys Glu Thr Phe Asn Leu Tyr Tyr Tyr Glu
 115 120 125

Ser Asp Asn Asp Lys Glu Arg Phe Ile Arg Glu Asn Gln Phe Val Lys
 130 135 140

Ile Asp Thr Ile Ala Ala Asp Glu Ser Phe Thr Gln Val Asp Ile Gly
 145 150 155 160

Asp Arg Ile Met Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Asp Val Gly Pro Leu
 165 170 175

Ser Lys Lys Gly Phe Tyr Leu Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile
 180 185 190

Ala Leu Val Ser Val Arg Val Phe Tyr Lys Lys Cys Pro Leu Thr Val
 195 200 205

Arg Asn Leu Ala Gln Phe Pro Asp Thr Ile Thr Gly Ala Asp Thr Ser
 210 215 220

Ser Leu Val Glu Val Arg Gly Ser Cys Val Asn Asn Ser Glu Glu Lys
 225 230 235 240

Asp Val Pro Lys Met Tyr Cys Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu Val Pro
 245 250 255

Ile Gly Asn Cys Leu Cys Asn Ala Gly His Glu Glu Arg Ser Gly Glu
 260 265 270

Cys Gln Ala Cys Lys Ile Gly Tyr Tyr Lys Ala Leu Ser Thr Asp Ala
 275 280 285

Thr Cys Ala Lys Cys Pro Pro His Ser Tyr Ser Val Trp Glu Gly Ala
 290 295 300

Thr Ser Cys Thr Cys Asp Arg Gly Phe Phe Arg Ala Asp Asn Asp Ala
305 310 315 320

Ala Ser Met Pro Cys Thr Arg Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ile
325 330 335

Ser Asn Val Asn Glu Thr Ser Val Asn Leu Glu Trp Ser Ser Pro Gln
340 345 350

Asn Thr Gly Gly Arg Gln Asp Ile Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys
355 360 365

Cys Gly Ala Gly Asp Pro Ser Lys Cys Arg Pro Cys Gly Ser Gly Val
370 375 380

His Tyr Thr Pro Gln Gln Asn Gly Leu Lys Thr Thr Lys Val Ser Ile
385 390 395 400

Thr Asp Leu Leu Ala His Thr Asn Tyr Thr Phe Glu Ile Trp Ala Val
405 410 415

Asn Gly Val Ser Lys Tyr Asn Pro Asn Pro Asp Gln Ser Val Ser Val
420 425 430

Thr Val Thr Thr Asn Gln Ala Ala Pro Ser Ser Ile Ala Leu Val Gln
435 440 445

Ala Lys Glu Val Thr Arg Tyr Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu Glu Pro
450 455 460

Asp Arg Pro Asn Gly Val Ile Leu Glu Tyr Glu Val Lys Tyr Tyr Glu
465 470 475 480

Lys Asp Gln Asn Glu Arg Ser Tyr Arg Ile Val Arg Thr Ala Ala Arg
485 490 495

Asn Thr Asp Ile Lys Gly Leu Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val Phe His
500 505 510

Val Arg Ala Arg Thr Ala Ala Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu
515 520 525

Glu Val Thr Thr Asn Thr Val Pro Ser Arg Ile Ile Gly Asp Gly Ala
530 535 540

Asn Ser Thr Val Leu Leu Val Ser Val Ser Gly Ser Val Val Leu Val
545 550 555 560

Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe Val Ile Ser Arg Arg Arg Ser Lys Tyr
565 570 575

Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala Asp Glu Glu Lys His Leu Asn Gln Gly
580 585 590

Val Arg Thr Tyr Val Asp Pro Phe Thr Tyr Glu Asp Pro Asn Gln Ala
595 600 605

Val Arg Glu Phe Ala Lys Glu Ile Asp Ala Ser Cys Ile Lys Ile Glu
610 615 620

Lys Val Ile Gly Val Gly Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu
625 630 635 640

Lys Val Pro Gly Lys Arg Glu Ile Cys Val Ala Ile Lys Thr Leu Lys
645 650 655

Ala Gly Tyr Thr Asp Lys Gln Arg Arg Asp Phe Leu Ser Glu Ala Ser
660 665 670

Ile Met Gly Gln Phe Asp His Pro Asn Ile Ile His Leu Glu Gly Val
675 680 685

Val Thr Lys Cys Lys Pro Val Met Ile Ile Thr Glu Tyr Met Glu Asn

690 695 700

Gly Ser Leu Asp Ala Phe Leu Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe Thr Val
705 710 715 720

Ile Gln Leu Val Gly Met Leu Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr
 725 730 735

Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Ile
 740 745 750

Leu Val Asn Ser Asn Leu Val Cys Lys Val Ser Asp Phe Gly Met Ser
 755 760 765

Arg Val Leu Glu Asp Asp Pro Glu Ala Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly
 770 775 780

Lys Ile Pro Ile Arg Trp Thr Ala Pro Glu Ala Ile Ala Tyr Arg Lys
785 790 795 800

Phe Thr Ser Ala Ser Asp Val Trp Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu
 805 810 815

Val Met Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Asp Met Ser Asn Gln Asp
 820 825 830

Val Ile Lys Ala Ile Glu Glu Gly Tyr Arg Leu Pro Pro Pro Met Asp
 835 840 845

Cys Pro Ile Ala Leu His Gln Leu Met Leu Asp Cys Trp Gln Lys Glu
850 855 860

Arg Ser Asp Arg Pro Lys Phe Gly Gln Ile Val Asn Met Leu Asp Lys
865 870 875 880

Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu Lys Arg Thr Gly Thr Glu Ser Ser
 885 890 895

Arg Pro Asn Thr Ala Leu Leu Asp Pro Ser Ser Pro Glu Phe Ser Ala
 900 905 910

Val Val Ser Val Gly Asp Trp Leu Gln Ala Ile Lys Met Asp Arg Tyr
 915 920 925

Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Glu Ala Val Val
 930 935 940

His Val Asn Gln Glu Asp Leu Ala Arg Ile Gly Ile Thr Ala Ile Thr
 945 950 955 960

His Gln Asn Lys Ile Leu Ser Ser Val Gln Ala Met Arg Thr Gln Met
 965 970 975

Gln Gln Met His Gly Arg Met Val Pro Val
 980 985

<210> 5
 <211> 4349
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (445)..(3093)

<400> 5
 tttttgaatc ggttgtggcg gccgcggcga ggaatggcgg tatttgtgag aggagtcggc 60

gtttgaagag gtggaactcc tagggctttt ttgagagtga cggagtctac ctcttgttac 120

ctagactgga gtgcagtggc acgatctcgg ctcaactgcaa cctctgcctc ccgggttcaa 180

gcgattctcc tgcctcagcc tcctgagtag ctgggattac aggtgcctgc caccaagccc 240

agctaatttt tgtattttta gtagagatgg ggtttcattg tgttggccag gctggtctcg 300

aactcctgac ctcgtgatcc gcccgcttg gcctcccaaa gtgctaggat tacaagtgtg 360

agccaccgcg tccggccttt caaatggtat ttttgatttt cctettccag tccttaaagc 420

agctgattta gaagaataca aatc atg gct gaa aat agt gta tta aca tcc 471
Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser
1 5

act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct aaa 519
Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys
10 15 20 25

gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca tat 567
Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr
30 35 40

gta gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt caa gaa 615
Val Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu
45 50 55

gct gga aaa caa gaa gaa ctt ata aaa gcc tta aag gac att aaa gtg 663
Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Ile Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val
60 65 70

ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg gat tct 711
Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser
75 80 85

ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat tct gtc 759
Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val
90 95 100 105

ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca cca gtt 807
Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val
110 115 120

gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca tgt cgc 855
Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg
125 130 135

ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt act gga 903
Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly

140	145	150	
ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc cat cac			951
Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His			
155	160	165	
atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca cat ttg			999
Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu			
170	175	180	185
gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg agt cta			1047
Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu			
190	195	200	
ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg gaa agg			1095
Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg			
205	210	215	
cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga aat gaa			1143
Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu			
220	225	230	
ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att tta agt ttc ctg gga ttt			1191
Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Leu Ser Phe Leu Gly Phe			
235	240	245	
tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg caa gga			1239
Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly			
250	255	260	265
ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt gta gtt			1287
Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val			
270	275	280	
gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag aaa ctt			1335
Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu			
285	290	295	
tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg gat gcc			1383
Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala			
300	305	310	
cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act cct gag			1431
Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu			

315	320	325	
ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac agc aat			1479
Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn			
330	335	340	345
cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca aga gag			1527
Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Glu			
	350	355	360
aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct gag cat			1575
Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His			
	365	370	375
tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca gag tct			1623
Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser			
	380	385	390
agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct tct aaa			1671
Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys			
	395	400	405
agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa gtt gca			1719
Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala			
410	415	420	425
aaa gag ctt tat caa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg gca aca			1767
Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr			
	430	435	440
att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa cgt ggt			1815
Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly			
	445	450	455
gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt agc atc			1863
Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile			
	460	465	470
cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt gaa gac			1911
Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp			
	475	480	485
ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att ttt ctg			1959
Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu			

490	495	500	505	
aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta aac ttc Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe 510 515 520				2007
ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag aaa cca Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro 525 530 535				2055
aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa tgt gga Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly 540 545 550				2103
cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg tta ccc Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro 555 560 565				2151
agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct gat gaa Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu 570 575 580 585				2199
aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg aag gaa Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu 590 595 600				2247
gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct caa aag Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys 605 610 615				2295
caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct aat ctt Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu 620 625 630				2343
tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att tct cta Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu 635 640 645				2391
ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc ctc ttc Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe 650 655 660 665				2439
aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att ggc act Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr 670 675 680 685				2487

670	675	680	
ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt aag cat			2535
Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His			
685	690	695	
att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac ata aga			2583
Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg			
700	705	710	
gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg cca cca			2631
Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro			
715	720	725	
aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca gat gaa			2679
Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu			
730	735	740	745
ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta gct aac			2727
Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn			
750	755	760	
acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct gat cca			2775
Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro			
765	770	775	
gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg agt aga			2823
Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg			
780	785	790	
gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga gca ttc			2871
Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe			
795	800	805	
tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt atg aca			2919
Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr			
810	815	820	825
tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat aag cat			2967
Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His			
830	835	840	
gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc cct tct			3015
Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser			

845	850	855	
ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt cat acg			3063
Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr			
860	865	870	
tta agt aga tct aca act cat ttg ata tga agcgttacca aaatcttaa			3113
Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile			
875	880		
ttatagaaat gtatagacac ctcatactca aataagaaac tgacttaaat ggtacttgta			3173
attagcacgt tggtgaaagc tggaaggaag ataaataaca ctaaactatg ctatttgatt			3233
tttcttcttg aaagagtaag gtttacctgt tacattttca agttaattca tgtaaaaaat			3293
gatagtgatt ttgatgtaat ttatctcttg ttgfaatctg tcattcaaag gccataatt			3353
taagttgcta tcagctgata ttagtagctt tgcaaccctg atagagtaaa taaattttat			3413
gggtgggtgc caaatactgc tgtgaatcta tttgtatagt atccatgaat gaatttatgg			3473
aaatagatat ttgtgcagct caatttatgc agagattaaa tgacatcata atactggatg			3533
aaaacttgca tagaattctg attaaatagt gggctctgtt cacatgtgca gtttgaagta			3593
tttaataac cactcctttc acagtttatt ttcttctcaa gcgttttcaa gatctagcat			3653
gtggatttta aaagatttgc cctcattaac aagaataaca tttaaaggag attgtttcaa			3713
aatatTTTTG caaattgaga taaggacaga aagattgaga aacattgtat atTTTGaaa			3773
aacaagatgt ttgtagctgt ttcagagaga gtacggtata tttatggtaa ttttatccac			3833
tagcaaatct tgatttagtt tgatagctgt cgtcggatt ttattttgaa ggataagacc			3893
atgggaaaat tgtggtaaag actgtttgta cccitcatga aataattctg aagttgcat			3953
cagttttact aatcttctgt gaaatgcata gatatgcgca tgttcaactt tttattgtgg			4013

tcttataatt aaatgtaaaa ttgaaaattc atttgctggt tcaaagtggtg atatctttca 4073
 caatagcctt tttatagtcg gtaattcaga ataatcaagt tcatatggat aaatgcattt 4133
 ttatttccta tttcttttagg gagtgctaca aatgtttgtc acttaaattt caagtttctg 4193
 ttttaatagt taactgacta tagattgttt tctatgccat gtatgtgcca cttctgagag 4253
 tagtaaatga ctctttgcta cattttaaaa gcaattgtat tagtaagaac tttgtaaata 4313
 aatacctaaa acccaagtgt aaaaaaaaa aaaaaa 4349

<210> 6
 <211> 882
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu
 20 25 30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Met Pro Gln Ile
 35 40 45

Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu
 50 55 60

Ile Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser
 65 70 75 80

Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe
 85 90 95

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

100

105

110

Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys
 115 120 125

Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met
 130 135 140

Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu
 145 150 155 160

Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys
 165 170 175

Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly
 180 185 190

Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro
 195 200 205

Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr
 210 215 220

Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln
 225 230 235 240

Asp Cys Ile Leu Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn
 245 250 255

Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly
 260 265 270

Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp
 275 280 285

Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp

290			295							300					
Phe	Trp	Gly	Ser	Ile	Gln	Met	Asp	Ala	Arg	Ala	Gly	Glu	Thr	Met	Tyr
305					310					315					320
Leu	Tyr	Glu	Lys	Ala	Asn	Thr	Pro	Glu	Leu	Lys	Lys	Ser	Val	Ser	Met
				325					330						335
Leu	Ser	Leu	Asn	Thr	Pro	Asn	Ser	Asn	Arg	Lys	Arg	Arg	Arg	Leu	Lys
			340					345							350
Glu	Thr	Leu	Ala	Gln	Leu	Ser	Arg	Glu	Thr	Asp	Val	Ser	Pro	Phe	Pro
		355					360								365
Pro	Arg	Lys	Arg	Pro	Ser	Ala	Glu	His	Ser	Leu	Ser	Ile	Gly	Ser	Leu
370						375									380
Leu	Asp	Ile	Ser	Asn	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser	Ile	Asn	Tyr	Gly	Asp	Thr
385					390						395				400
Pro	Lys	Ser	Cys	Thr	Lys	Ser	Ser	Lys	Ser	Ser	Thr	Pro	Val	Pro	Ser
				405							410				415
Lys	Gln	Ser	Ala	Arg	Trp	Gln	Val	Ala	Lys	Glu	Leu	Tyr	Gln	Thr	Glu
			420					425							430
Ser	Asn	Tyr	Val	Asn	Ile	Leu	Ala	Thr	Ile	Ile	Gln	Leu	Phe	Gln	Val
			435				440								445
Pro	Leu	Glu	Glu	Glu	Gly	Gln	Arg	Gly	Gly	Pro	Ile	Leu	Ala	Pro	Glu
450						455									460
Glu	Ile	Lys	Thr	Ile	Phe	Gly	Ser	Ile	Pro	Asp	Ile	Phe	Asp	Val	His
465					470					475					480
Thr	Lys	Ile	Lys	Asp	Asp	Leu	Glu	Asp	Leu	Ile	Val	Asn	Trp	Asp	Glu
				485					490						495

Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val
 500 505 510

Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr
 515 520 525

Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys
 530 535 540

Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu
 545 550 555 560

Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn
 565 570 575

Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu
 580 585 590

Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu
 595 600 605

Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr
 610 615 620

Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu
 625 630 635 640

Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg
 645 650 655

Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala
 660 665 670

Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln
 675 680 685

Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser
 690 695 700

Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn
 705 710 715 720

Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu
 725 730 735

Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu
 740 745 750

Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala
 755 760 765

Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr
 770 775 780

Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys
 785 790 795 800

Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys
 805 810 815

Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly
 820 825 830

Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser
 835 840 845

Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro
 850 855 860

Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His
 865 870 875 880

Leu Ile

<210> 7
 <211> 1372
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (206)..(397)

<400> 7	
gcacgagggc gcttttgct cccgtgagtt ttgtggcggg aagcttctgc gctggtgctt	60
agtaaccgac tttctccgg actcctgcac gacctgctcc tacagccggc gatccactcc	120
cggtgttcc cccggagggt ccagaggcct ttcagaagga gaaggcagct ctgtttctct	180
gcagaggagt aggtccttt cagcc atg aag cat gtg ttg aac ctc tac ctg	232
Met Lys His Val Leu Asn Leu Tyr Leu	
1 5	
tta ggt gtg gta ctg acc cta ctc tcc atc ttc gtt aga gtg atg gag	280
Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu	
10 15 20 25	
tcc cta gaa ggc tta cta gag agc cca tcg cct ggg acc tcc tgg acc	328
Ser Leu Glu Gly Leu Leu Glu Ser Pro Ser Pro Gly Thr Ser Trp Thr	
30 35 40	
acc aga agc caa cta gcc aac aca gag ccc acc aag ggc ctt cca gac	376
Thr Arg Ser Gln Leu Ala Asn Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu Pro Asp	
45 50 55	
cat cca tcc aga agc atg tga taagacctec ttccatactg gccatatttt	427
His Pro Ser Arg Ser Met	
60	
ggaacactga cctagacatg tccagatggg agtcccattc ctagcagaca agctgagcac	487

cgttgtaacc agagaactat tactaggcct tgaagaacct gtctaactgg atgctcattg 547

cctgggcaag gcctgttttag gccggttcg gtggctcatg cctgtaatcc tagcactttg 607

ggaggctgag gtgggtggat cacctgaggt caggagttcg agaccagcct cgccaacatg 667

gcgaaacccc atcttacta aaaatacaaa agttagctgg gtgtggtggc agaggcctgt 727

aatcccagtt ccttgggagg ctgaggcggg agaattgctt gaacccgggg acggaggttg 787

cagtgaaccg agatcgact gctgtacca gcctgggcca cagtgaaga ctccatctca 847

aaaaaaaaa gaaaagaaaa agcctgttta atgcacaggt gtgagtggat tgcttatggc 907

tatgagatag gttgatctcg cccttaccg ggggtctggt gtatgctgtg ctttcctcag 967

cagtatggct ctgacatctc ttagatgtcc caacttcagc tgttgggaga tggatatt 1027

ttcaacccta cttcctaac atctgtctgg ggttccttta gtcttgaatg tcttatgctc 1087

aattatttgg tgttgagcct ctctccaca agagctctc catgtttgga tagcagttga 1147

agaggttgtg tgggtggct gttgggagtg aggatggagt gttcagtgcc catttctcat 1207

tttacatttt aaagtcgttc ctccaacata gtgtgtattg gtctgaaggg ggtggtggga 1267

tgccaaagcc tgctcaagtt atggacattg tggccacat gtggettaaa tgattttttc 1327

taactaataa agtggaatat atatttcaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1372

<210> 8
 <211> 63
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 8

Met Lys His Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
 1 5 10 15

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

Ser Pro Ser Pro Gly Thr Ser Trp Thr Thr Arg Ser Gln Leu Ala Asn
 35 40 45

Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu Pro Asp His Pro Ser Arg Ser Met
 50 55 60

<210> 9
 <211> 3516
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (767)..(1990)

<400> 9
 ggatcctgga gacaactttg ccgtgtgacg cgccgggagg actgcagggc ccgcgccga 60
 gggtcggcg ccgcctgtga gggggcccgc gcggccgct ctcccggca ccaagcttgc 120
 tccgcgccac tgcccgcgg cccgcggcga ggacgacctg cccgtctccg ccgcccggcg 180
 ccttcctgg cgcgaggcag tgagggcgag gcgctcaggt gcgagcggg ggccccgccc 240
 cagcggcccgc cgcagcggcg cgccaagccg cgcccggctc cgctccgggg ggctccagcg 300
 ctttcgttc cgtctcagcc aagttgctg gaccgctct ttgccacct tccccagccg 360
 ccggccgaac cgccgtccc actgacgtg ctttcgttc acccgaaccg gggctgcggg 420
 gccccgacg cggaaaggat ggggagaagg ctgcagatgc cgaggcggc cgagacggcc 480
 gtgcgccagt gaccgcgac ctccgcccc cccggcgcgc ccctcgggcc cccggggccc 540

tcggcgcccc ttcctgccc gcgggaacc cccgaggccc ggccggcccc ctcccctgc 600

gagccggcgg cagccctccc ggccggcggg cggcggagg cccggcggg cgcggcgcg 660

ggcggggcgg ggccggggcg gcgcgcccgg agcccggagc ccggccctgc gctcggtcg 720

actcggtcgc cctcgcggcg ggcccccctcgc tcgccagcgg cgacc atg gac ggg 775
Met Asp Gly
1

ctg ccc ggt cgg gcg ctg ggg gcc gcc tgc ctt ctg ctg ctg gcg gcc 823
Leu Pro Gly Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala
5 10 15

ggc tgg ctg ggg cct gag gcc tgg ggc tca ccc acg ccc ccg ccg acg 871
Gly Trp Leu Gly Pro Glu Ala Trp Gly Ser Pro Thr Pro Pro Pro Thr
20 25 30 35

cct gcc gcg ccg ccg cca ccc ccg cca ccc gga gcc ccg ggt ggc tcg 919
Pro Ala Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Ala Pro Gly Gly Ser
40 45 50

cag gac acc tgt acg tcg tgc ggc ggc ttc cgg cgg cca gag gag ctc 967
Gln Asp Thr Cys Thr Ser Cys Gly Gly Phe Arg Arg Pro Glu Glu Leu
55 60 65

ggc cga gtg gac ggc gac ttc ctg gag gcg gtg aag cgg cac atc ttg 1015
Gly Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile Leu
70 75 80

agc cgc ctg cag atg cgg ggc cgg ccc aac atc acg cac gcc gtg cct 1063
Ser Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile Thr His Ala Val Pro
85 90 95

aag gcc gcc atg gtc acg gcc ctg cgc aag ctg cac gcg ggc aag gtg 1111
Lys Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu His Ala Gly Lys Val
100 105 110 115

cgc gag gac ggc cgc gtg gag atc ccg cac ctc gac ggc cac gcc agc 1159
Arg Glu Asp Gly Arg Val Glu Ile Pro His Leu Asp Gly His Ala Ser
120 125 130

ccg ggc gcc gac ggc cag gag cgc gtt tcc gaa atc atc agc ttc gcc 1207
Pro Gly Ala Asp Gly Gln Glu Arg Val Ser Glu Ile Ile Ser Phe Ala

135	140	145	
gag aca gat ggc ctc gcc tcc tcc cgg gtc cgc cta tac ttc ttc atc			1255
Glu Thr Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu Tyr Phe Phe Ile			
150	155	160	
tcc aac gaa ggc aac cag aac ctg ttt gtg gtc cag gcc agc ctg tgg			1303
Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp			
165	170	175	
ctt tac ctg aaa ctc ctg ccc tac gtc ctg gag aag ggc agc cgg cgg			1351
Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu Glu Lys Gly Ser Arg Arg			
180	185	190	195
aag gtg cgg gtc aaa gtg tac ttc cag gag cag ggc cac ggt gac agg			1399
Lys Val Arg Val Lys Val Tyr Phe Gln Glu Gln Gly His Gly Asp Arg			
200	205	210	
tgg aac atg gtg gag aag agg gtg gac ctc aag cgc agc ggc tgg cat			1447
Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu Lys Arg Ser Gly Trp His			
215	220	225	
acc ttc cca ctc acg gag gcc atc cag gcc ttg ttt gag cgg ggc gag			1495
Thr Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu Phe Glu Arg Gly Glu			
230	235	240	
cgg cga ctc aac cta gac gtg cag tgt gac agc tgc cag gag ctg gcc			1543
Arg Arg Leu Asn Leu Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu Ala			
245	250	255	
gtg gtg ccg gtg ttc gtg gac cca ggc gaa gag tcg cac cga ccc ttt			1591
Val Val Pro Val Phe Val Asp Pro Gly Glu Glu Ser His Arg Pro Phe			
260	265	270	275
gtg gtg gtg cag gct cgg ctg ggc gac agc agg cac cgc att cgc aag			1639
Val Val Val Gln Ala Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg Ile Arg Lys			
280	285	290	
cga ggc ctg gag tgc gat ggc cgg acc aac ctc tgt tgc agg caa cag			1687
Arg Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln			
295	300	305	
ttc ttc att gac ttc cgc ctc atc ggc tgg aac gac tgg atc ata gca			1735
Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile Ile Ala			

310	315	320	
ccc acc ggc tac tac ggc aac tac tgt gag ggc agc tgc cca gcc tac			1783
Pro Thr Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr			
325	330	335	
ctg gca ggg gtc ccc ggc tct gcc tcc tcc ttc cac acg gct gtg gtg			1831
Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala Ser Ser Phe His Thr Ala Val Val			
340	345	350	355
aac cag tac cgc atg cgg ggt ctg aac ccc ggc acg gtg aac tcc tgc			1879
Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val Asn Ser Cys			
360	365	370	
tgc att ccc acc aag ctg agc acc atg tcc atg ctg tac ttc gat gat			1927
Cys Ile Pro Thr Lys Leu Ser Thr Met Ser Met Leu Tyr Phe Asp Asp			
375	380	385	
gag tac aac atc gtc aag cgg gac gtg ccc aac atg att gtg gag gag			1975
Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val Pro Asn Met Ile Val Glu Glu			
390	395	400	
tgc ggc tgc gcc tga cagtgaagg caggggcacg gtggtggggc acggagggca			2030
Cys Gly Cys Ala			
405			
gtccccgggtg ggcttcttcc agccccccgc gggaacgggg tacacggtgg gctgagtaca			2090
gtcattctgt tgggctgtgg agatagtgcc agggtgcggc ctgagatatt tttctacagc			2150
ttcatagagc aaccagtcaa aaccagagcg agaaccctca actgacatga aatactttaa			2210
aatgcacacg tagccacgca cagccagacg catcctgcca cccacacagc agcctccagg			2270
ataccagcaa atggatgcgg tgacaaatgg cagcttagct acaaatgcct gtcagtcgga			2330
gagaatgggg tgagcagcca ccattccacc agctggcccg gccacgtctc gaagttgcgc			2390
cttcccagc acacataaaa gcacaaagac agagacgcag agagagagag agagccacgg			2450
agagggaaaag cagatgcagg ggtggggagc gcagctcggc ggaggctcgc tgtccccgt			2510

ggcttttacc aggcctgctc tgcctggctc gatgtctgct tcttcccagc ctgggatcct 2570
 tcgtgcttca aggcctgggg agcctgtcct tccatgcctt tgtcgaggga aagagacca 2630
 gaaaggacac aaccctcag agacctggga gcaggggcaa tgaccgtttg actgttttg 2690
 gcttgggcct ctgacatgac ttatgtgtgt gtgtgttttt ggggtgggga gggagggaga 2750
 gaagaggggg ctaaatttga tgctttaact gatctcaac agttgacagg tcatccttgc 2810
 cagttgtata actgaaaaag gacttttcta ccaggtatga ccttttaagt gaaaatctga 2870
 attgttctaa atggaaagaa aaaaagttgc aatctgtgcc cttcattggg gacattcctc 2930
 taggactggt ttggggacgg gtgggaatga ccctaggca aggggatgag accgcaggag 2990
 gaaatggcgg ggaggtgca ttcttgaact gctgaggatg gggggtgtcc cctcagcgga 3050
 ggccaagga ggggagcagc ctagtgtgtc ttggagagat ggggaaggct ttcagctgat 3110
 ttgcagaagt tgcccatgtg ggccaacca tcagggtgg cctgggactg ggcccctgcc 3170
 cactcacctg cccgcctgcc cgcccgccg catagcactt gcagacctgc ctgaacgcac 3230
 atgacatagc acttgccgat ctgcgtgtgc ccagaagtgg cccttggccg aggcccgaa 3290
 tcgctgccc tctagatgtc caagtccac gtgaactatg caatttaaag ggttgacca 3350
 cactagacga aactggactc gtacactct tttatattt tttatacttg aaatgaaatc 3410
 ctttgcttct ttttaagcg aatgattgct tttaatgttt gcactgattt agttgcatga 3470
 ttagtcagaa actgccattt gaaaaaaaag ttatttttat agcagc 3516

<210> 10
 <211> 407
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 10

Met Asp Gly Leu Pro Gly Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Ala Ala Gly Trp Leu Gly Pro Glu Ala Trp Gly Ser Pro Thr Pro
 20 25 30

Pro Pro Thr Pro Ala Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Ala Pro
 35 40 45

Gly Gly Ser Gln Asp Thr Cys Thr Ser Cys Gly Gly Phe Arg Arg Pro
 50 55 60

Glu Glu Leu Gly Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg
 65 70 75 80

His Ile Leu Ser Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile Thr His
 85 90 95

Ala Val Pro Lys Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu His Ala
 100 105 110

Gly Lys Val Arg Glu Asp Gly Arg Val Glu Ile Pro His Leu Asp Gly
 115 120 125

His Ala Ser Pro Gly Ala Asp Gly Gln Glu Arg Val Ser Glu Ile Ile
 130 135 140

Ser Phe Ala Glu Thr Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu Tyr
 145 150 155 160

Phe Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala
 165 170 175

Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu Glu Lys Gly

180

185

190

Ser Arg Arg Lys Val Arg Val Lys Val Tyr Phe Gln Glu Gln Gly His
 195 200 205

Gly Asp Arg Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu Lys Arg Ser
 210 215 220

Gly Trp His Thr Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu Phe Glu
 225 230 235 240

Arg Gly Glu Arg Arg Leu Asn Leu Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln
 245 250 255

Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val Asp Pro Gly Glu Glu Ser His
 260 265 270

Arg Pro Phe Val Val Val Gln Ala Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg
 275 280 285

Ile Arg Lys Arg Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu Cys Cys
 290 295 300

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp
 305 310 315 320

Ile Ile Ala Pro Thr Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys
 325 330 335

Pro Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala Ser Ser Phe His Thr
 340 345 350

Ala Val Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val
 355 360 365

Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu Ser Thr Met Ser Met Leu Tyr

370	375	380	
Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val Pro Asn Met Ile			
385	390	395	400
Val Glu Glu Cys Gly Cys Ala			
	405		
<210>	11		
<211>	2972		
<212>	DNA		
<213>	Homo sapiens		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(28)..(2700)		
<400>	11		
tcttcggacc taggctgccc tgccgtc atg tgc caa ggg atc ctt tct ccg cca			54
	Met Ser Gln Gly Ile Leu Ser Pro Pro		
	1	5	
gcg ggc ttg ctg tcc gat gac gat gtc gta gtt tct ccc atg ttt gag			102
Ala Gly Leu Leu Ser Asp Asp Asp Val Val Val Ser Pro Met Phe Glu			
10	15	20	25
tcc aca gct gca gat ttg ggg tct gtg gta cgc aag aac ctg cta tca			150
Ser Thr Ala Ala Asp Leu Gly Ser Val Val Arg Lys Asn Leu Leu Ser			
	30	35	40
gac tgc tct gtc gtc tct acc tcc cta gag gac aag cag cag gtt cca			198
Asp Cys Ser Val Val Ser Thr Ser Leu Glu Asp Lys Gln Gln Val Pro			
	45	50	55
tct gag gac agt atg gag aag gtg aaa gta tac ttg agg gtt agg ccc			246
Ser Glu Asp Ser Met Glu Lys Val Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro			
	60	65	70
ttg tta cct tca gag ttg gaa cga cag gaa gat cag ggt tgt gtc cgt			294
Leu Leu Pro Ser Glu Leu Glu Arg Gln Glu Asp Gln Gly Cys Val Arg			
	75	80	85
att gag aat gtg gag acc ctt gtt cta caa gca ccc aag gac tgc ttt			342

Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu Val Leu Gln Ala Pro Lys Asp Ser Phe
90 95 100 105

gcc ctg aag agc aat gaa cgg gga att ggc caa gcc aca cac agg ttc 390
Ala Leu Lys Ser Asn Glu Arg Gly Ile Gly Gln Ala Thr His Arg Phe
110 115 120

acc ttt tcc cag atc ttt ggg cca gaa gtg gga cag gca tcc ttc ttc 438
Thr Phe Ser Gln Ile Phe Gly Pro Glu Val Gly Gln Ala Ser Phe Phe
125 130 135

aac cta act gtg aag gag atg gta aag gat gta ctc aaa ggg cag aac 486
Asn Leu Thr Val Lys Glu Met Val Lys Asp Val Leu Lys Gly Gln Asn
140 145 150

tgg ctc atc tat aca tat gga gtc act aac tca ggg aaa acc cac acg 534
Trp Leu Ile Tyr Thr Tyr Gly Val Thr Asn Ser Gly Lys Thr His Thr
155 160 165

att caa ggt acc atc aag gat gga ggg att ctc ccc cgg tcc ctg gcg 582
Ile Gln Gly Thr Ile Lys Asp Gly Gly Ile Leu Pro Arg Ser Leu Ala
170 175 180 185

ctg atc ttc aat agc ctc caa ggc caa ctt cat cca aca cct gat ctg 630
Leu Ile Phe Asn Ser Leu Gln Gly Gln Leu His Pro Thr Pro Asp Leu
190 195 200

aag ccc ttg ctc tcc aat gag gta atc tgg cta gac agc aag cag atc 678
Lys Pro Leu Leu Ser Asn Glu Val Ile Trp Leu Asp Ser Lys Gln Ile
205 210 215

cga cag gag gaa atg aag aag ctg tcc ctg cta aat gga ggc ctc caa 726
Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys Leu Ser Leu Leu Asn Gly Gly Leu Gln
220 225 230

gag gag gag ctg tcc act tcc ttg aag agg agt gtc tac atc gaa agt 774
Glu Glu Glu Leu Ser Thr Ser Leu Lys Arg Ser Val Tyr Ile Glu Ser
235 240 245

cgg ata ggt acc agc acc agc ttc gac agt ggc att gct ggg ctc tct 822
Arg Ile Gly Thr Ser Thr Ser Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu Ser
250 255 260 265

tct atc agt cag tgt acc agc agt agc cag ctg gat gaa aca agt cat 870
Ser Ile Ser Gln Cys Thr Ser Ser Ser Gln Leu Asp Glu Thr Ser His

270	275	280	
cga tgg gca cag cca gac act gcc cca cta cct gtc ccg gca aac att			918
Arg Trp Ala Gln Pro Asp Thr Ala Pro Leu Pro Val Pro Ala Asn Ile			
285	290	295	
cgc ttc tcc atc tgg atc tca ttc ttt gag atc tac aac gaa ctg ctt			966
Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu			
300	305	310	
tat gac cta tta gaa ccg cct agc caa cag cgc aag agg cag act ttg			1014
Tyr Asp Leu Leu Glu Pro Pro Ser Gln Gln Arg Lys Arg Gln Thr Leu			
315	320	325	
cgg cta tgc gag gat caa aat ggc aat ccc tat gtg aaa gat ctc aac			1062
Arg Leu Cys Glu Asp Gln Asn Gly Asn Pro Tyr Val Lys Asp Leu Asn			
330	335	340	345
tgg att cat gtg caa gat gct gag gag gcc tgg aag ctc cta aaa gtg			1110
Trp Ile His Val Gln Asp Ala Glu Glu Ala Trp Lys Leu Leu Lys Val			
350	355	360	
ggt cgt aag aac cag agc ttt gcc agc acc cac ctc aac cag aac tcc			1158
Gly Arg Lys Asn Gln Ser Phe Ala Ser Thr His Leu Asn Gln Asn Ser			
365	370	375	
agc cgc agt cac agc atc ttc tca atc agg atc cta cac ctt cag ggg			1206
Ser Arg Ser His Ser Ile Phe Ser Ile Arg Ile Leu His Leu Gln Gly			
380	385	390	
gaa gga gat ata gtc ccc aag atc agc gag ctg tca ctc tgt gat ctg			1254
Glu Gly Asp Ile Val Pro Lys Ile Ser Glu Leu Ser Leu Cys Asp Leu			
395	400	405	
gct ggc tca gag cgc tgc aaa gat cag aag agt ggt gaa cgg ttg aag			1302
Ala Gly Ser Glu Arg Cys Lys Asp Gln Lys Ser Gly Glu Arg Leu Lys			
410	415	420	425
gaa gca gga aac att aac acc tct cta cac acc ctg ggc cgc tgt att			1350
Glu Ala Gly Asn Ile Asn Thr Ser Leu His Thr Leu Gly Arg Cys Ile			
430	435	440	
gct gcc ctt cgt caa aac cag cag aac cgg tca aag cag aac ctg gtt			1398
Ala Ala Leu Arg Gln Asn Gln Gln Asn Arg Ser Lys Gln Asn Leu Val			

445	450	455	
ccc ttc cgt gac agc aag ttg act cga gtg ttc caa ggt ttc ttc aca			1446
Pro Phe Arg Asp Ser Lys Leu Thr Arg Val Phe Gln Gly Phe Phe Thr			
460	465	470	
ggc cga ggc cgt tcc tgc atg att gtc aat gtg aat ccc tgt gca tct			1494
Gly Arg Gly Arg Ser Cys Met Ile Val Asn Val Asn Pro Cys Ala Ser			
475	480	485	
acc tat gat gaa act ctt cat gtg gcc aag ttc tca gcc att gct agc			1542
Thr Tyr Asp Glu Thr Leu His Val Ala Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser			
490	495	500	505
cag ctt gtg cat gcc cca cct atg caa ctg gga ttc cca tcc ctg cac			1590
Gln Leu Val His Ala Pro Pro Met Gln Leu Gly Phe Pro Ser Leu His			
510	515	520	
tcg ttc atc aag gaa cat agt ctt cag gta tcc ccc agc tta gag aaa			1638
Ser Phe Ile Lys Glu His Ser Leu Gln Val Ser Pro Ser Leu Glu Lys			
525	530	535	
ggg gct aag gca gac aca ggc ctt gat gat gat att gaa aat gaa gct			1686
Gly Ala Lys Ala Asp Thr Gly Leu Asp Asp Asp Ile Glu Asn Glu Ala			
540	545	550	
gac atc tcc atg tat ggc aaa gag gag ctc cta caa gtt gtg gaa gcc			1734
Asp Ile Ser Met Tyr Gly Lys Glu Glu Leu Leu Gln Val Val Glu Ala			
555	560	565	
atg aag aca ctg ctt ttg aag gaa cga cag gaa aag cta cag ctg gag			1782
Met Lys Thr Leu Leu Leu Lys Glu Arg Gln Glu Lys Leu Gln Leu Glu			
570	575	580	585
atg cat ctc cga gat gaa att tgc aat gag atg gta gaa cag atg caa			1830
Met His Leu Arg Asp Glu Ile Cys Asn Glu Met Val Glu Gln Met Gln			
590	595	600	
cag cgg gaa cag tgg tgc agt gaa cat ttg gac acc caa aag gaa cta			1878
Gln Arg Glu Gln Trp Cys Ser Glu His Leu Asp Thr Gln Lys Glu Leu			
605	610	615	
ttg gag gaa atg tat gaa gaa aaa cta aat atc ctc aag gag tca ctg			1926
Leu Glu Glu Met Tyr Glu Glu Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu			

620	625	630	
aca agt ttt tac caa gaa gag att cag gag cgg gat gaa aag att gaa			1974
Thr Ser Phe Tyr Gln Glu Glu Ile Gln Glu Arg Asp Glu Lys Ile Glu			
635	640	645	
gag cta gaa gct ctc ttg cag gaa gcc aga caa cag tca gtg gcc cat			2022
Glu Leu Glu Ala Leu Leu Gln Glu Ala Arg Gln Gln Ser Val Ala His			
650	655	660	665
cag caa tca ggg tct gaa ttg gcc cta cgg cgg tca caa agg ttg gca			2070
Gln Gln Ser Gly Ser Glu Leu Ala Leu Arg Arg Ser Gln Arg Leu Ala			
670	675	680	
gct tct gcc tcc acc cag cag ctt cag gag gtt aaa gct aaa tta cag			2118
Ala Ser Ala Ser Thr Gln Gln Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu Gln			
685	690	695	
cag tgc aaa gca gag cta aac tct acc act gaa gag ttg cat aag tat			2166
Gln Cys Lys Ala Glu Leu Asn Ser Thr Thr Glu Glu Leu His Lys Tyr			
700	705	710	
cag aaa atg tta gaa cca cca ccc tca gcc aag ccc ttc acc att gat			2214
Gln Lys Met Leu Glu Pro Pro Ser Ala Lys Pro Phe Thr Ile Asp			
715	720	725	
gtg gac aag aag tta gaa gag ggc cag aag aat ata agg ctg ttg cgg			2262
Val Asp Lys Lys Leu Glu Glu Gly Gln Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg			
730	735	740	745
aca gag ctt cag aaa ctt ggt gag tct ctc caa tca gca gag aga gct			2310
Thr Glu Leu Gln Lys Leu Gly Glu Ser Leu Gln Ser Ala Glu Arg Ala			
750	755	760	
tgt tgc cac agc act ggg gca gga aaa ctt cgt caa gcc ttg acc act			2358
Cys Cys His Ser Thr Gly Ala Gly Lys Leu Arg Gln Ala Leu Thr Thr			
765	770	775	
tgt gat gac atc tta atc aaa cag gac cag act ctg gct gaa ctg cag			2406
Cys Asp Asp Ile Leu Ile Lys Gln Asp Gln Thr Leu Ala Glu Leu Gln			
780	785	790	
aac aac atg gtg cta gtg aaa ctg gac ctt cgg aag aag gca gca tgt			2454
Asn Asn Met Val Leu Val Lys Leu Asp Leu Arg Lys Lys Ala Ala Cys			

795	800	805	
att gct gag cag tat cat act gtg ttg aaa ctc caa ggc cag gtt tct			2502
Ile Ala Glu Gln Tyr His Thr Val Leu Lys Leu Gln Gly Gln Val Ser			
810	815	820	825
gcc aaa aag cgc ctt ggt acc aac cag gaa aat cag caa cca aac caa			2550
Ala Lys Lys Arg Leu Gly Thr Asn Gln Glu Asn Gln Gln Pro Asn Gln			
	830	835	840
caa cca cca ggg aag aaa cca ttc ctt cga aat tta ctt ccc cga aca			2598
Gln Pro Pro Gly Lys Lys Pro Phe Leu Arg Asn Leu Leu Pro Arg Thr			
	845	850	855
cca acc tgc caa agc tca aca gac tgc agc cct tat gcc cgg atc cta			2646
Pro Thr Cys Gln Ser Ser Thr Asp Cys Ser Pro Tyr Ala Arg Ile Leu			
	860	865	870
cgc tca cgg cgt tcc cct tta ctc aaa tct ggg cct ttt ggc aaa aag			2694
Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu Leu Lys Ser Gly Pro Phe Gly Lys Lys			
	875	880	885
tac taa ggctgtgggg aaagagaaga gcagtcatgg ccctgaggtg ggtcagctac			2750
Tyr			
890			
tctcctgaag aaataggctc cttttatgct ttaccatata tcaggaatta tatccaggat			2810
gcaatactca gacactagct tttttctcac ttttgattta taaccaccta tgtaatctca			2870
tgttggtgtt ttttttatt tacttatatg atttctatgc acacaaaaac agttatatta			2930
aagatattat tgttcacatt ttttattgaa aaaaaaaaaa aa			2972
<p><210> 12 <211> 890 <212> PRT <213> Homo sapiens</p>			
<p><400> 12</p>			
Met Ser Gln Gly Ile Leu Ser Pro Pro Ala Gly Leu Leu Ser Asp Asp			

1 5 10 15

 Asp Val Val Val Ser Pro Met Phe Glu Ser Thr Ala Ala Asp Leu Gly
 20 25 30

 Ser Val Val Arg Lys Asn Leu Leu Ser Asp Cys Ser Val Val Ser Thr
 35 40 45

 Ser Leu Glu Asp Lys Gln Gln Val Pro Ser Glu Asp Ser Met Glu Lys
 50 55 60

 Val Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu Pro Ser Glu Leu Glu
 65 70 75 80

 Arg Gln Glu Asp Gln Gly Cys Val Arg Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu
 85 90 95

 Val Leu Gln Ala Pro Lys Asp Ser Phe Ala Leu Lys Ser Asn Glu Arg
 100 105 110

 Gly Ile Gly Gln Ala Thr His Arg Phe Thr Phe Ser Gln Ile Phe Gly
 115 120 125

 Pro Glu Val Gly Gln Ala Ser Phe Phe Asn Leu Thr Val Lys Glu Met
 130 135 140

 Val Lys Asp Val Leu Lys Gly Gln Asn Trp Leu Ile Tyr Thr Tyr Gly
 145 150 155 160

 Val Thr Asn Ser Gly Lys Thr His Thr Ile Gln Gly Thr Ile Lys Asp
 165 170 175

 Gly Gly Ile Leu Pro Arg Ser Leu Ala Leu Ile Phe Asn Ser Leu Gln
 180 185 190

 Gly Gln Leu His Pro Thr Pro Asp Leu Lys Pro Leu Leu Ser Asn Glu

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

385	390	395	400	
Ile Ser Glu Leu Ser Leu Cys Asp Leu Ala Gly Ser Glu Arg Cys Lys	405	410	415	
Asp Gln Lys Ser Gly Glu Arg Leu Lys Glu Ala Gly Asn Ile Asn Thr	420	425	430	
Ser Leu His Thr Leu Gly Arg Cys Ile Ala Ala Leu Arg Gln Asn Gln	435	440	445	
Gln Asn Arg Ser Lys Gln Asn Leu Val Pro Phe Arg Asp Ser Lys Leu	450	455	460	
Thr Arg Val Phe Gln Gly Phe Phe Thr Gly Arg Gly Arg Ser Cys Met	465	470	475	480
Ile Val Asn Val Asn Pro Cys Ala Ser Thr Tyr Asp Glu Thr Leu His	485	490	495	
Val Ala Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser Gln Leu Val His Ala Pro Pro	500	505	510	
Met Gln Leu Gly Phe Pro Ser Leu His Ser Phe Ile Lys Glu His Ser	515	520	525	
Leu Gln Val Ser Pro Ser Leu Glu Lys Gly Ala Lys Ala Asp Thr Gly	530	535	540	
Leu Asp Asp Asp Ile Glu Asn Glu Ala Asp Ile Ser Met Tyr Gly Lys	545	550	555	560
Glu Glu Leu Leu Gln Val Val Glu Ala Met Lys Thr Leu Leu Leu Lys	565	570	575	
Glu Arg Gln Glu Lys Leu Gln Leu Glu Met His Leu Arg Asp Glu Ile	580	585	590	

Cys Asn Glu Met Val Glu Gln Met Gln Gln Arg Glu Gln Trp Cys Ser
 595 600 605

Glu His Leu Asp Thr Gln Lys Glu Leu Leu Glu Glu Met Tyr Glu Glu
 610 615 620

Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu Thr Ser Phe Tyr Gln Glu Glu
 625 630 635 640

Ile Gln Glu Arg Asp Glu Lys Ile Glu Glu Leu Glu Ala Leu Leu Gln
 645 650 655

Glu Ala Arg Gln Gln Ser Val Ala His Gln Gln Ser Gly Ser Glu Leu
 660 665 670

Ala Leu Arg Arg Ser Gln Arg Leu Ala Ala Ser Ala Ser Thr Gln Gln
 675 680 685

Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu Gln Gln Cys Lys Ala Glu Leu Asn
 690 695 700

Ser Thr Thr Glu Glu Leu His Lys Tyr Gln Lys Met Leu Glu Pro Pro
 705 710 715 720

Pro Ser Ala Lys Pro Phe Thr Ile Asp Val Asp Lys Lys Leu Glu Glu
 725 730 735

Gly Gln Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu Gln Lys Leu Gly
 740 745 750

Glu Ser Leu Gln Ser Ala Glu Arg Ala Cys Cys His Ser Thr Gly Ala
 755 760 765

Gly Lys Leu Arg Gln Ala Leu Thr Thr Cys Asp Asp Ile Leu Ile Lys
 770 775 780

Gln Asp Gln Thr Leu Ala Glu Leu Gln Asn Asn Met Val Leu Val Lys
785 790 795 800

Leu Asp Leu Arg Lys Lys Ala Ala Cys Ile Ala Glu Gln Tyr His Thr
805 810 815

Val Leu Lys Leu Gln Gly Gln Val Ser Ala Lys Lys Arg Leu Gly Thr
820 825 830

Asn Gln Glu Asn Gln Gln Pro Asn Gln Gln Pro Pro Gly Lys Lys Pro
835 840 845

Phe Leu Arg Asn Leu Leu Pro Arg Thr Pro Thr Cys Gln Ser Ser Thr
850 855 860

Asp Cys Ser Pro Tyr Ala Arg Ile Leu Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu
865 870 875 880

Leu Lys Ser Gly Pro Phe Gly Lys Lys Tyr
885 890

<210> 13
<211> 2150
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (105)..(2033)

<400> 13
ctcgagccac gaaggcccg ctgicctgtc tagcagatac ttgcacggtt tacagaaatt 60

cggtccctgg gtcgtgtcag gaaactggaa aaaaggtcat aagc atg aag cgc agt 116
Met Lys Arg Ser
1

tca gtt tcc agc ggt ggt gct ggc cgc ctc tcc atg cag gag tta aga 164
Ser Val Ser Ser Gly Gly Ala Gly Arg Leu Ser Met Gln Glu Leu Arg

5	10	15	20	
tcc cag gat gta aat aaa caa ggc ctc tat acc cct caa acc aaa gag				212
Ser Gln Asp Val Asn Lys Gln Gly Leu Tyr Thr Pro Gln Thr Lys Glu				
	25	30	35	
aaa cca acc ttt gga aag ttg agt ata aac aaa ccg aca tct gaa aga				260
Lys Pro Thr Phe Gly Lys Leu Ser Ile Asn Lys Pro Thr Ser Glu Arg				
	40	45	50	
aaa gtc tcg cta ttt ggc aaa aga act agt gga cat gga tcc cgg aat				308
Lys Val Ser Leu Phe Gly Lys Arg Thr Ser Gly His Gly Ser Arg Asn				
	55	60	65	
agt caa ctt ggt ata ttt tcc agt tct gag aaa atc aag gac ccg aga				356
Ser Gln Leu Gly Ile Phe Ser Ser Ser Glu Lys Ile Lys Asp Pro Arg				
	70	75	80	
cca ctt aat gac aaa gca ttc att cag cag tgt att cga caa ctc tgt				404
Pro Leu Asn Asp Lys Ala Phe Ile Gln Gln Cys Ile Arg Gln Leu Cys				
	85	90	95	100
gag ttt ctt aca gaa aat ggt tat gca cat aat gtg tcc atg aaa tct				452
Glu Phe Leu Thr Glu Asn Gly Tyr Ala His Asn Val Ser Met Lys Ser				
	105	110	115	
cta caa gct ccc tct gtt aaa gac ttc ctg aag atc ttc aca ttt ctt				500
Leu Gln Ala Pro Ser Val Lys Asp Phe Leu Lys Ile Phe Thr Phe Leu				
	120	125	130	
tat ggc ttc ctg tgc ccc tca tac gaa ctt cct gac aca aag ttt gaa				548
Tyr Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Thr Lys Phe Glu				
	135	140	145	
gaa gag gtt cca aga atc ttt aaa gac ctt ggg tat cct ttt gca cta				596
Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr Pro Phe Ala Leu				
	150	155	160	
tcc aaa agc tcc atg tac aca gtg ggg gct cct cat aca tgg cct cac				644
Ser Lys Ser Ser Met Tyr Thr Val Gly Ala Pro His Thr Trp Pro His				
	165	170	175	180
att gtg gca gcc tta gtt tgg cta ata gac tgc atc aag ata cat act				692
Ile Val Ala Ala Leu Val Trp Leu Ile Asp Cys Ile Lys Ile His Thr				

185	190	195	
<p>gcc atg aaa gaa agc tca cct tta ttt gat gat ggg cag cct tgg gga Ala Met Lys Glu Ser Ser Pro Leu Phe Asp Asp Gly Gln Pro Trp Gly</p>			740
200	205	210	
<p>gaa gaa act gaa gat gga att atg cat aat aag ttg ttt ttg gac tac Glu Glu Thr Glu Asp Gly Ile Met His Asn Lys Leu Phe Leu Asp Tyr</p>			788
215	220	225	
<p>acc ata aaa tgc tat gag agt ttt atg agt ggt gcc gac agc ttt gat Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe Met Ser Gly Ala Asp Ser Phe Asp</p>			836
230	235	240	
<p>gag atg aat gca gag ctg cag tca aaa ctg aag gat tta ttt aat gtg Glu Met Asn Ala Glu Leu Gln Ser Lys Leu Lys Asp Leu Phe Asn Val</p>			884
245	250	255	260
<p>gat gct ttt aag ctg gaa tca tta gaa gca aaa aac aga gca ttg aat Asp Ala Phe Lys Leu Glu Ser Leu Glu Ala Lys Asn Arg Ala Leu Asn</p>			932
265	270	275	
<p>gaa cag att gca aga ttg gaa caa gaa aga gaa aaa gaa ccg aat cgt Glu Gln Ile Ala Arg Leu Glu Gln Glu Arg Glu Lys Glu Pro Asn Arg</p>			980
280	285	290	
<p>cta gag tcg ttg aga aaa ctg aag gct tcc tta caa gga gat gtt caa Leu Glu Ser Leu Arg Lys Leu Lys Ala Ser Leu Gln Gly Asp Val Gln</p>			1028
295	300	305	
<p>aag tat cag gca tac atg agc aat ttg gag tct cat tca gcc att ctt Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu Glu Ser His Ser Ala Ile Leu</p>			1076
310	315	320	
<p>gac cag aaa tta aat ggt ctc aat gag gaa att gct aga gta gaa cta Asp Gln Lys Leu Asn Gly Leu Asn Glu Glu Ile Ala Arg Val Glu Leu</p>			1124
325	330	335	340
<p>gaa tgt gaa aca ata aaa cag gag aac act cga cta cag aat atc att Glu Cys Glu Thr Ile Lys Gln Glu Asn Thr Arg Leu Gln Asn Ile Ile</p>			1172
345	350	355	
<p>gac aac cag aag tac tca gtt gca gac att gag cga ata aat cat gaa Asp Asn Gln Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg Ile Asn His Glu</p>			1220

360	365	370	
aga aat gaa ttg cag cag act att aat aaa tta acc aag gac ctg gaa			1268
Arg Asn Glu Leu Gln Gln Thr Ile Asn Lys Leu Thr Lys Asp Leu Glu			
375	380	385	
gct gaa caa cag aag ttg tgg aat gag gag tta aaa tat gcc aga ggc			1316
Ala Glu Gln Gln Lys Leu Trp Asn Glu Glu Leu Lys Tyr Ala Arg Gly			
390	395	400	
aaa gaa gcg att gaa aca caa tta gca gag tat cac aaa ttg gct aga			1364
Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu Ala Glu Tyr His Lys Leu Ala Arg			
405	410	415	420
aaa tta aaa ctt att cct aaa ggt gct gag aat tcc aaa ggt tat gac			1412
Lys Leu Lys Leu Ile Pro Lys Gly Ala Glu Asn Ser Lys Gly Tyr Asp			
425	430	435	
ttt gaa att aag ttt aat ccc gag gct ggt gcc aac tgc ctt gtc aaa			1460
Phe Glu Ile Lys Phe Asn Pro Glu Ala Gly Ala Asn Cys Leu Val Lys			
440	445	450	
tac agg gct caa gtt tat gta cct ctt aag gaa ctc ctg aat gaa act			1508
Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu Leu Asn Glu Thr			
455	460	465	
gaa gaa gaa att aat aaa gcc cta aat aaa aaa atg ggt ttg gag gat			1556
Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met Gly Leu Glu Asp			
470	475	480	
act tta gaa caa ttg aat gca atg ata aca gaa agc aag aga agt gtg			1604
Thr Leu Glu Gln Leu Asn Ala Met Ile Thr Glu Ser Lys Arg Ser Val			
485	490	495	500
aga act ctg aaa gaa gaa gtt caa aag ctg gat gat ctt tac caa caa			1652
Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu Asp Asp Leu Tyr Gln Gln			
505	510	515	
aaa att aag gaa gca gag gaa gag gat gaa aaa tgt gcc agt gag ctt			1700
Lys Ile Lys Glu Ala Glu Glu Glu Asp Glu Lys Cys Ala Ser Glu Leu			
520	525	530	
gag tcc ttg gag aaa cac aag cac ctg cta gaa agt act gtt aac cag			1748
Glu Ser Leu Glu Lys His Lys His Leu Leu Glu Ser Thr Val Asn Gln			

535 540 545

ggg ctc agt gaa gct atg aat gaa tta gat gct gtt cag cgg gaa tac 1796
 Gly Leu Ser Glu Ala Met Asn Glu Leu Asp Ala Val Gln Arg Glu Tyr
 550 555 560

caa cta gtt gtg caa acc acg act gaa gaa aga cga aaa gtg gga aat 1844
 Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr Glu Glu Arg Arg Lys Val Gly Asn
 565 570 575 580

aac ttg caa cgt ctg tta gag atg gtt gct aca cat gtt ggg tct gta 1892
 Asn Leu Gln Arg Leu Leu Glu Met Val Ala Thr His Val Gly Ser Val
 585 590 595

gag aaa cat ctt gag gag cag att gct aaa gtt gat aga gaa tat gaa 1940
 Glu Lys His Leu Glu Glu Gln Ile Ala Lys Val Asp Arg Glu Tyr Glu
 600 605 610

gaa tgc atg tca gaa gat ctc tcg gaa aat att aaa gag att aga gat 1988
 Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Asn Ile Lys Glu Ile Arg Asp
 615 620 625

aag tat gag aag aaa gct act cta att aag tct tct gaa gaa tga 2033
 Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile Lys Ser Ser Glu Glu
 630 635 640

agataaaaatg ttgatcatgt atatatatcc atagtgaata aaattgtctc agtaaaaaaa 2093

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2150

<210> 14
 <211> 642
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 14

Met Lys Arg Ser Ser Val Ser Ser Gly Gly Ala Gly Arg Leu Ser Met
 1 5 10 15

Gln Glu Leu Arg Ser Gln Asp Val Asn Lys Gln Gly Leu Tyr Thr Pro
 20 25 30

Gln Thr Lys Glu Lys Pro Thr Phe Gly Lys Leu Ser Ile Asn Lys Pro
 35 40 45

Thr Ser Glu Arg Lys Val Ser Leu Phe Gly Lys Arg Thr Ser Gly His
 50 55 60

Gly Ser Arg Asn Ser Gln Leu Gly Ile Phe Ser Ser Ser Glu Lys Ile
 65 70 75 80

Lys Asp Pro Arg Pro Leu Asn Asp Lys Ala Phe Ile Gln Gln Cys Ile
 85 90 95

Arg Gln Leu Cys Glu Phe Leu Thr Glu Asn Gly Tyr Ala His Asn Val
 100 105 110

Ser Met Lys Ser Leu Gln Ala Pro Ser Val Lys Asp Phe Leu Lys Ile
 115 120 125

Phe Thr Phe Leu Tyr Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu Pro Asp
 130 135 140

Thr Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr
 145 150 155 160

Pro Phe Ala Leu Ser Lys Ser Ser Met Tyr Thr Val Gly Ala Pro His
 165 170 175

Thr Trp Pro His Ile Val Ala Ala Leu Val Trp Leu Ile Asp Cys Ile
 180 185 190

Lys Ile His Thr Ala Met Lys Glu Ser Ser Pro Leu Phe Asp Asp Gly
 195 200 205

Gln Pro Trp Gly Glu Glu Thr Glu Asp Gly Ile Met His Asn Lys Leu

210	215	220
Phe Leu Asp Tyr Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe Met Ser Gly Ala		
225	230	235
Asp Ser Phe Asp Glu Met Asn Ala Glu Leu Gln Ser Lys Leu Lys Asp		
	245	250
Leu Phe Asn Val Asp Ala Phe Lys Leu Glu Ser Leu Glu Ala Lys Asn		
	260	265
Arg Ala Leu Asn Glu Gln Ile Ala Arg Leu Glu Gln Glu Arg Glu Lys		
	275	280
Glu Pro Asn Arg Leu Glu Ser Leu Arg Lys Leu Lys Ala Ser Leu Gln		
	290	295
Gly Asp Val Gln Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu Glu Ser His		
305	310	315
Ser Ala Ile Leu Asp Gln Lys Leu Asn Gly Leu Asn Glu Glu Ile Ala		
	325	330
Arg Val Glu Leu Glu Cys Glu Thr Ile Lys Gln Glu Asn Thr Arg Leu		
	340	345
Gln Asn Ile Ile Asp Asn Gln Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg		
	355	360
Ile Asn His Glu Arg Asn Glu Leu Gln Gln Thr Ile Asn Lys Leu Thr		
	370	375
Lys Asp Leu Glu Ala Glu Gln Gln Lys Leu Trp Asn Glu Glu Leu Lys		
385	390	395
Tyr Ala Arg Gly Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu Ala Glu Tyr His		
	405	410
		415

Lys Leu Ala Arg Lys Leu Lys Leu Ile Pro Lys Gly Ala Glu Asn Ser
 420 425 430

Lys Gly Tyr Asp Phe Glu Ile Lys Phe Asn Pro Glu Ala Gly Ala Asn
 435 440 445

Cys Leu Val Lys Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu
 450 455 460

Leu Asn Glu Thr Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met
 465 470 475 480

Gly Leu Glu Asp Thr Leu Glu Gln Leu Asn Ala Met Ile Thr Glu Ser
 485 490 495

Lys Arg Ser Val Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu Asp Asp
 500 505 510

Leu Tyr Gln Gln Lys Ile Lys Glu Ala Glu Glu Glu Asp Glu Lys Cys
 515 520 525

Ala Ser Glu Leu Glu Ser Leu Glu Lys His Lys His Leu Leu Glu Ser
 530 535 540

Thr Val Asn Gln Gly Leu Ser Glu Ala Met Asn Glu Leu Asp Ala Val
 545 550 555 560

Gln Arg Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr Glu Glu Arg Arg
 565 570 575

Lys Val Gly Asn Asn Leu Gln Arg Leu Leu Glu Met Val Ala Thr His
 580 585 590

Val Gly Ser Val Glu Lys His Leu Glu Glu Gln Ile Ala Lys Val Asp
 595 600 605

Arg Glu Tyr Glu Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Asn Ile Lys
 610 615 620

Glu Ile Arg Asp Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile Lys Ser Ser
 625 630 635 640

Glu Glu

<210> 15
 <211> 2984
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (75)..(2648)

<400> 15
 ggaaattcaa acgtgtttgc ggaaaggagt ttgggttcca tcttttcatt tccccagcgc 60

agctttctgt agaa atg gaa tcc gag gat tta agt ggc aga gaa ttg aca 110
 Met Glu Ser Glu Asp Leu Ser Gly Arg Glu Leu Thr
 1 5 10

att gat tcc ata atg aac aaa gtg aga gac att aaa aat aag ttt aaa 158
 Ile Asp Ser Ile Met Asn Lys Val Arg Asp Ile Lys Asn Lys Phe Lys
 15 20 25

aat gaa gac ctt act gat gaa cta agc ttg aat aaa att tct gct gat 206
 Asn Glu Asp Leu Thr Asp Glu Leu Ser Leu Asn Lys Ile Ser Ala Asp
 30 35 40

act aca gat aac tcg gga act gtt aac caa att atg atg atg gca aac 254
 Thr Thr Asp Asn Ser Gly Thr Val Asn Gln Ile Met Met Met Ala Asn
 45 50 55 60

aac cca gag gac tgg ttg agt ttg ttg ctc aaa cta gag aaa aac agt 302
 Asn Pro Glu Asp Trp Leu Ser Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser
 65 70 75

gtt ccg cta agt gat gct ctt tta aat aaa ttg att ggt cgt tac agt 350
 Val Pro Leu Ser Asp Ala Leu Leu Asn Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser
 80 85 90

caa gca att gaa gcg ctt ccc cca gat aaa tat ggc caa aat gag agt 398
 Gln Ala Ile Glu Ala Leu Pro Pro Asp Lys Tyr Gly Gln Asn Glu Ser
 95 100 105

ttt gct aga att caa gtg aga ttt gct gaa tta aaa gct att caa gag 446
 Phe Ala Arg Ile Gln Val Arg Phe Ala Glu Leu Lys Ala Ile Gln Glu
 110 115 120

cca gat gat gca cgt gac tac ttt caa atg gcc aga gca aac tgc aag 494
 Pro Asp Asp Ala Arg Asp Tyr Phe Gln Met Ala Arg Ala Asn Cys Lys
 125 130 135 140

aaa ttt gct ttt gtt cat ata tct ttt gca caa ttt gaa ctg tca caa 542
 Lys Phe Ala Phe Val His Ile Ser Phe Ala Gln Phe Glu Leu Ser Gln
 145 150 155

ggc aat gtc aaa aaa agt aaa caa ctt ctt caa aaa gct gta gaa cgt 590
 Gly Asn Val Lys Lys Ser Lys Gln Leu Leu Gln Lys Ala Val Glu Arg
 160 165 170

gga gca gta cca cta gaa atg ctg gaa att gcc ctg cgg aat tta aac 638
 Gly Ala Val Pro Leu Glu Met Leu Glu Ile Ala Leu Arg Asn Leu Asn
 175 180 185

ctc caa aaa aag cag ctg ctt tca gag gag gaa aag aag aat tta tca 686
 Leu Gln Lys Lys Gln Leu Leu Ser Glu Glu Glu Lys Lys Asn Leu Ser
 190 195 200

gca tct acg gta tta act gcc caa gaa tca ttt tcc ggt tca ctt ggg 734
 Ala Ser Thr Val Leu Thr Ala Gln Glu Ser Phe Ser Gly Ser Leu Gly
 205 210 215 220

cat tta cag aat agg aac aac agt tgt gat tcc aga gga cag act act 782
 His Leu Gln Asn Arg Asn Asn Ser Cys Asp Ser Arg Gly Gln Thr Thr
 225 230 235

aaa gcc agg ttt tta tat gga gag aac atg cca cca caa gat gca gaa 830
 Lys Ala Arg Phe Leu Tyr Gly Glu Asn Met Pro Pro Gln Asp Ala Glu
 240 245 250

ata ggt tac cgg aat tca ttg aga caa act aac aaa act aaa cag tca Ile Gly Tyr Arg Asn Ser Leu Arg Gln Thr Asn Lys Thr Lys Gln Ser 255 260 265	878
tgc cca ttt gga aga gtc cca gtt aac ctt cta aat agc cca gat tgt Cys Pro Phe Gly Arg Val Pro Val Asn Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys 270 275 280	926
gat gtg aag aca gat gat tca gtt gta cct tgt ttt atg aaa aga caa Asp Val Lys Thr Asp Asp Ser Val Val Pro Cys Phe Met Lys Arg Gln 285 290 295 300	974
acc tct aga tca gaa tgc cga gat ttg gtt gtg cct gga tct aaa cca Thr Ser Arg Ser Glu Cys Arg Asp Leu Val Val Pro Gly Ser Lys Pro 305 310 315	1022
agt gga aat gat tcc tgt gaa tta aga aat tta aag tct gtt caa aat Ser Gly Asn Asp Ser Cys Glu Leu Arg Asn Leu Lys Ser Val Gln Asn 320 325 330	1070
agt cat ttc aag gaa cct ctg gtg tca gat gaa aag agt tct gaa ctt Ser His Phe Lys Glu Pro Leu Val Ser Asp Glu Lys Ser Ser Glu Leu 335 340 345	1118
att att act gat tca ata acc ctg aag aat aaa acg gaa tca agt ctt Ile Ile Thr Asp Ser Ile Thr Leu Lys Asn Lys Thr Glu Ser Ser Leu 350 355 360	1166
cta gct aaa tta gaa gaa act aaa gag tat caa gaa cca gag gtt cca Leu Ala Lys Leu Glu Glu Thr Lys Glu Tyr Gln Glu Pro Glu Val Pro 365 370 375 380	1214
gag agt aac cag aaa cag tgg caa tct aag aga aag tca gag tgt att Glu Ser Asn Gln Lys Gln Trp Gln Ser Lys Arg Lys Ser Glu Cys Ile 385 390 395	1262
aac cag aat cct gct gca tct tca aat cac tgg cag att ccg gag tta Asn Gln Asn Pro Ala Ala Ser Ser Asn His Trp Gln Ile Pro Glu Leu 400 405 410	1310
gcc cga aaa gtt aat aca gag cag aaa cat acc act ttt gag caa cct Ala Arg Lys Val Asn Thr Glu Gln Lys His Thr Thr Phe Glu Gln Pro 415 420 425	1358

gtc ttt tca gtt tca aaa cag tca cca cca ata tca aca tct aaa tgg Val Phe Ser Val Ser Lys Gln Ser Pro Pro Ile Ser Thr Ser Lys Trp 430 435 440	1406
ttt gac cca aaa tct att tgt aag aca cca agc agc aat acc ttg gat Phe Asp Pro Lys Ser Ile Cys Lys Thr Pro Ser Ser Asn Thr Leu Asp 445 450 455 460	1454
gat tac atg agc tgt ttt aga act cca gtt gta aag aat gac ttt cca Asp Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val Val Lys Asn Asp Phe Pro 465 470 475	1502
cct gct tgt cag ttg tca aca cct tat ggc caa cct gcc tgt ttc cag Pro Ala Cys Gln Leu Ser Thr Pro Tyr Gly Gln Pro Ala Cys Phe Gln 480 485 490	1550
cag caa cag cat caa ata ctt gcc act cca ctt caa aat tta cag gtt Gln Gln Gln His Gln Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu Gln Val 495 500 505	1598
tta gca tct tct tca gca aat gaa tgc att tcg gtt aaa gga aga att Leu Ala Ser Ser Ser Ala Asn Glu Cys Ile Ser Val Lys Gly Arg Ile 510 515 520	1646
tat tcc att tta aag cag ata gga agt gga ggt tca agc aag gta ttt Tyr Ser Ile Leu Lys Gln Ile Gly Ser Gly Gly Ser Ser Lys Val Phe 525 530 535 540	1694
cag gtg tta aat gaa aag aaa cag ata tat gct ata aaa tat gtg aac Gln Val Leu Asn Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val Asn 545 550 555	1742
tta gaa gaa gca gat aac caa act ctt gat agt tac cgg aac gaa ata Leu Glu Glu Ala Asp Asn Gln Thr Leu Asp Ser Tyr Arg Asn Glu Ile 560 565 570	1790
gct tat ttg aat aaa cta caa caa cac agt gat aag atc atc cga ctt Ala Tyr Leu Asn Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile Arg Leu 575 580 585	1838
tat gat tat gaa atc acg gac cag tac atc tac atg gta atg gag tgt Tyr Asp Tyr Glu Ile Thr Asp Gln Tyr Ile Tyr Met Val Met Glu Cys 590 595 600	1886

gga aat att gat ctt aat agt tgg ctt aaa aag aaa aaa tcc att gat Gly Asn Ile Asp Leu Asn Ser Trp Leu Lys Lys Lys Lys Ser Ile Asp 605 610 615 620	1934
cca tgg gaa cgc aag agt tac tgg aaa aat atg tta gag gca gtt cac Pro Trp Glu Arg Lys Ser Tyr Trp Lys Asn Met Leu Glu Ala Val His 625 630 635	1982
aca atc cat caa cat ggc att gtt cac agt gat ctt aaa cca gct aac Thr Ile His Gln His Gly Ile Val His Ser Asp Leu Lys Pro Ala Asn 640 645 650	2030
ttt ctg ata gtt gat gga atg cta aag cta att gat ttt ggg att gca Phe Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile Ala 655 660 665	2078
aac caa atg caa cca gat aca aca agt gtt gtt aaa gat tct cag gtt Asn Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val Lys Asp Ser Gln Val 670 675 680	2126
ggc aca gtt aat tat atg cca cca gaa gca atc aaa gat atg tct tcc Gly Thr Val Asn Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met Ser Ser 685 690 695 700	2174
tcc aga gag aat ggg aaa tct aag tca aag ata agc ccc aaa agt gat Ser Arg Glu Asn Gly Lys Ser Lys Ser Lys Ile Ser Pro Lys Ser Asp 705 710 715	2222
gtt tgg tcc tta gga tgt att ttg tac tat atg act tac ggg aaa aca Val Trp Ser Leu Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met Thr Tyr Gly Lys Thr 720 725 730	2270
cca ttt cag cag ata att aat cag att tct aaa tta cat gcc ata att Pro Phe Gln Gln Ile Ile Asn Gln Ile Ser Lys Leu His Ala Ile Ile 735 740 745	2318
gat cct aat cat gaa att gaa ttt ccc gat att cca gag aaa gat ctt Asp Pro Asn His Glu Ile Glu Phe Pro Asp Ile Pro Glu Lys Asp Leu 750 755 760	2366
caa gat gtg tta aag tgt tgt tta aaa agg gac cca aaa cag agg ata Gln Asp Val Leu Lys Cys Cys Leu Lys Arg Asp Pro Lys Gln Arg Ile 765 770 775 780	2414

ctc att cct gag ctc ctg gct cat ccc tat gtt caa att caa act cat 2462
 Ser Ile Pro Glu Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile Gln Thr His
 785 790 795

cca gtt aac caa atg gcc aag gga acc act gaa gaa atg aaa tat gtt 2510
 Pro Val Asn Gln Met Ala Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val
 800 805 810

ctg ggc caa ctt gtt ggt ctg aat tct cct aac tcc att ttg aaa gct 2558
 Leu Gly Gln Leu Val Gly Leu Asn Ser Pro Asn Ser Ile Leu Lys Ala
 815 820 825

gct aaa act tta tat gaa cac tat agt ggt ggt gaa agt cat aat tct 2606
 Ala Lys Thr Leu Tyr Glu His Tyr Ser Gly Gly Glu Ser His Asn Ser
 830 835 840

tca tcc tcc aag act ttt gaa aaa aaa agg gga aaa aaa tga 2648
 Ser Ser Ser Lys Thr Phe Glu Lys Lys Arg Gly Lys Lys
 845 850 855

tttgcagtta ttcgtaatgt caaataccac ctataaaata tattggactg ttatactctt 2708

gaatccctgt ggaaatctac atttgaagac aacatcactc tgaagtgtta tcagcaaaaa 2768

aaattcagta gattatcttt aaaagaaaac tgtaaaaata gcaaccactt atggtactgt 2828

atatattgta gacttgTTTT ctctgTTTTA tgctcttgTG taacttactt gacatcattt 2888

tactcttggA atagtgggtg gatagcaagt atattctaaa aaactttgta aataaagttt 2948

tgtggctaaa atgacactaa aaaaaaaaa aaaaaa 2984

<210> 16
 <211> 857
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 16

Met Glu Ser Glu Asp Leu Ser Gly Arg Glu Leu Thr Ile Asp Ser Ile

1

5

10

15

Met Asn Lys Val Arg Asp Ile Lys Asn Lys Phe Lys Asn Glu Asp Leu
20 25 30

Thr Asp Glu Leu Ser Leu Asn Lys Ile Ser Ala Asp Thr Thr Asp Asn
35 40 45

Ser Gly Thr Val Asn Gln Ile Met Met Met Ala Asn Asn Pro Glu Asp
50 55 60

Trp Leu Ser Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser Val Pro Leu Ser
65 70 75 80

Asp Ala Leu Leu Asn Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala Ile Glu
85 90 95

Ala Leu Pro Pro Asp Lys Tyr Gly Gln Asn Glu Ser Phe Ala Arg Ile
100 105 110

Gln Val Arg Phe Ala Glu Leu Lys Ala Ile Gln Glu Pro Asp Asp Ala
115 120 125

Arg Asp Tyr Phe Gln Met Ala Arg Ala Asn Cys Lys Lys Phe Ala Phe
130 135 140

Val His Ile Ser Phe Ala Gln Phe Glu Leu Ser Gln Gly Asn Val Lys
145 150 155 160

Lys Ser Lys Gln Leu Leu Gln Lys Ala Val Glu Arg Gly Ala Val Pro
165 170 175

Leu Glu Met Leu Glu Ile Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys
180 185 190

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

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

385	390	395	400
Ala Ala Ser Ser Asn His Trp Gln Ile Pro Glu Leu Ala Arg Lys Val	405	410	415
Asn Thr Glu Gln Lys His Thr Thr Phe Glu Gln Pro Val Phe Ser Val	420	425	430
Ser Lys Gln Ser Pro Pro Ile Ser Thr Ser Lys Trp Phe Asp Pro Lys	435	440	445
Ser Ile Cys Lys Thr Pro Ser Ser Asn Thr Leu Asp Asp Tyr Met Ser	450	455	460
Cys Phe Arg Thr Pro Val Val Lys Asn Asp Phe Pro Pro Ala Cys Gln	465	470	475
Leu Ser Thr Pro Tyr Gly Gln Pro Ala Cys Phe Gln Gln Gln Gln His	485	490	495
Gln Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu Gln Val Leu Ala Ser Ser	500	505	510
Ser Ala Asn Glu Cys Ile Ser Val Lys Gly Arg Ile Tyr Ser Ile Leu	515	520	525
Lys Gln Ile Gly Ser Gly Gly Ser Ser Lys Val Phe Gln Val Leu Asn	530	535	540
Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val Asn Leu Glu Glu Ala	545	550	555
Asp Asn Gln Thr Leu Asp Ser Tyr Arg Asn Glu Ile Ala Tyr Leu Asn	565	570	575
Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile Arg Leu Tyr Asp Tyr Glu	580	585	590

Ile Thr Asp Gln Tyr Ile Tyr Met Val Met Glu Cys Gly Asn Ile Asp
595 600 605

Leu Asn Ser Trp Leu Lys Lys Lys Ser Ile Asp Pro Trp Glu Arg
610 615 620

Lys Ser Tyr Trp Lys Asn Met Leu Glu Ala Val His Thr Ile His Gln
625 630 635 640

His Gly Ile Val His Ser Asp Leu Lys Pro Ala Asn Phe Leu Ile Val
645 650 655

Asp Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile Ala Asn Gln Met Gln
660 665 670

Pro Asp Thr Thr Ser Val Val Lys Asp Ser Gln Val Gly Thr Val Asn
675 680 685

Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met Ser Ser Ser Arg Glu Asn
690 695 700

Gly Lys Ser Lys Ser Lys Ile Ser Pro Lys Ser Asp Val Trp Ser Leu
705 710 715 720

Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met Thr Tyr Gly Lys Thr Pro Phe Gln Gln
725 730 735

Ile Ile Asn Gln Ile Ser Lys Leu His Ala Ile Ile Asp Pro Asn His
740 745 750

Glu Ile Glu Phe Pro Asp Ile Pro Glu Lys Asp Leu Gln Asp Val Leu
755 760 765

Lys Cys Cys Leu Lys Arg Asp Pro Lys Gln Arg Ile Ser Ile Pro Glu
770 775 780

Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile Gln Thr His Pro Val Asn Gln
 785 790 795 800

Met Ala Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val Leu Gly Gln Leu
 805 810 815

Val Gly Leu Asn Ser Pro Asn Ser Ile Leu Lys Ala Ala Lys Thr Leu
 820 825 830

Tyr Glu His Tyr Ser Gly Gly Glu Ser His Asn Ser Ser Ser Ser Lys
 835 840 845

Thr Phe Glu Lys Lys Arg Gly Lys Lys
 850 855

<210> 17
 <211> 1735
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (242)..(913)

<400> 17
 gttatcagag gtgagcccgt gctcttcagc ggagaagatc ccctacctgg ccgccggcca 60

ctttctgtgg gccgtggggt cctcaaggag acggcccttg ggctcagggg ctgcgtttcc 120

acacgcgect ttcccagggc tcccgcgccc gttcttgect ggccgcccgc cgtccaaca 180

gcagcacaag gcgggactca gaaccggcgt tcagggccgc cagcggccgc gaggccctga 240

g atg agg ctc caa aga ccc cga cag gcc ccg gcg ggt ggg agg cgc gcg 289
 Met Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala Gly Gly Arg Arg Ala
 1 5 10 15

ccc cgg ggc ggg cgg ggc tcc ccc tac cgg cca gac ccg ggg aga ggc 337

Pro Arg Gly Gly Arg Gly Ser Pro Tyr Arg Pro Asp Pro Gly Arg Gly
 20 25 30

gcg cgg agg ctg cga agg ttc cag aag ggc ggg gag ggg gcg ccg cgc 385
 Ala Arg Arg Leu Arg Arg Phe Gln Lys Gly Gly Glu Gly Ala Pro Arg
 35 40 45

gct gac cct ccc tgg gca ccg ctg ggg acg atg gcg ctg ctc gcc ttg 433
 Ala Asp Pro Pro Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu
 50 55 60

ctg ctg gtc gtg gcc cta ccg cgg gtg tgg aca gac gcc aac ctg act 481
 Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
 65 70 75 80

gcg aga caa cga gat cca gag gac tcc cag cga acg gac gag ggt gac 529
 Ala Arg Gln Arg Asp Pro Glu Asp Ser Gln Arg Thr Asp Glu Gly Asp
 85 90 95

aat aga gtg tgg tgt cat gtt tgt gag aga gaa aac act ttc gag tgc 577
 Asn Arg Val Trp Cys His Val Cys Glu Arg Glu Asn Thr Phe Glu Cys
 100 105 110

cag aac cca agg agg tgc aaa tgg aca gag cca tac tgc gtt ata gcg 625
 Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala
 115 120 125

gcc gtg aaa ata ttt cca cgt ttt ttc atg gtt gcg aag cag tgc tcc 673
 Ala Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser
 130 135 140

gct ggt tgt gca gcg atg gag aga ccc aag cca gag gag aag cgg ttt 721
 Ala Gly Cys Ala Ala Met Glu Arg Pro Lys Pro Glu Glu Lys Arg Phe
 145 150 155 160

ctc ctg gaa gag ccc atg ccc ttc ttt tac ctc aag tgt tgt aaa att 769
 Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile
 165 170 175

gcg tac tgc aat tta gag ggg cca cct atc aac tca tca gtg ttc aaa 817
 Arg Tyr Cys Asn Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val Phe Lys
 180 185 190

gaa tat gct ggg agc atg ggt gag agc tgt ggt ggg ctg tgg ctg gcc 865
 Glu Tyr Ala Gly Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu Trp Leu Ala

195	200	205	
atc ctc ctg ctg ctg gcc tcc att gca gcc ggc ctc agc ctg tet tga			913
Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu Ser Leu Ser			
210	215	220	
gccacgggac tgccacagac tgagccttcc ggagcatgga ctcgctccag accgttgtca			973
cctgttgcac taaacttgtt ttctgttgat tacctcttgg ttgacttcc cagggtcttg			1033
ggatgggaga gtgggatca ggtgcagttg gctcttaacc ctcaagggtt cttaactca			1093
cattcagagg aagtcagat ctctgagta gtgattttgg tgacaagttt ttctcttga			1153
aatcaaacct tgtaactcat ttattgtgta tggecactct tttccttgac tcccctctgc			1213
ctctgagggc ttcagtattg atggggaggg aggcctaagt accactcatg gagagtatgt			1273
gctgagatgc ttccgacctt tcaggtgacg caggaacact gggggagtct gaatgattgg			1333
ggtgaagaca tccttgagat gaaggactcc tcagcatggg gggcagtggg gcacacgtta			1393
gggctgcccc cattccagtg gtggaggcgc tgtggatggc tgcttttctt caacctttcc			1453
taccagattc caggaggcag aagataacta attgtgttga agaaacttag acttcacca			1513
ccagctggca caggtgcaca gattcataaa ttcccacagc tgtgtgttca acatctgaaa			1573
cttaggcca gtagagagca tcagggtaaa tggcgttcat ttctctgtta agatgcagcc			1633
atccatgggg agctgagaaa tcagactcaa agttccacca aaaacaata caaggggact			1693
tcaaaagttc acgaaaaaat tgaattaa gataaaaatt aa			1735

<210> 18
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 18

Met Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala Gly Gly Arg Arg Ala
1 5 10 15

Pro Arg Gly Gly Arg Gly Ser Pro Tyr Arg Pro Asp Pro Gly Arg Gly
 20 25 30

Ala Arg Arg Leu Arg Arg Phe Gln Lys Gly Gly Glu Gly Ala Pro Arg
 35 40 45

Ala Asp Pro Pro Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu
 50 55 60

Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
65 70 75 80

Ala Arg Gln Arg Asp Pro Glu Asp Ser Gln Arg Thr Asp Glu Gly Asp
 85 90 95

Asn Arg Val Trp Cys His Val Cys Glu Arg Glu Asn Thr Phe Glu Cys
 100 105 110

Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala
 115 120 125

Ala Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser
130 135 140

Ala Gly Cys Ala Ala Met Glu Arg Pro Lys Pro Glu Glu Lys Arg Phe
145 150 155 160

Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile
 165 170 175

Arg Tyr Cys Asn Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val Phe Lys

180

185

190

Glu Tyr Ala Gly Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu Trp Leu Ala
 195 200 205

Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu Ser Leu Ser
 210 215 220

<210> 19
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 19

Ile Tyr Glu Val Met Val Leu Ala Met
 1 5

<210> 20
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 20

Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu
 1 5

<210> 21
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 21

Val Phe Arg Glu Ala Glu Val Thr Leu
1 5

<210> 22

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 22

Leu Tyr Val Glu Val Thr Asn Glu Ala
1 5

<210> 23

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 23

Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn
1 5

<210> 24

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 24

Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val
1 5

<210> 25

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 25

Arg Ser Leu Lys Glu Arg Asn Pro Leu
1 5

<210> 26

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 26

Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu
1 5

<210> 27

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 27

Lys Gly Gly Phe Ile Leu Pro Val Leu

1 5

<210> 28
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 28

Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser
 1 5

<210> 29
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 29

Leu Phe Ser Thr Asp Asn Asp Asp Phe
 1 5

<210> 30
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 30

Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser Arg Phe
 1 5 10

<210> 31
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 31

Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr Ser Ile
 1 5 10

<210> 32
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 32

Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 33
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 33

Asp Phe Glu Ala Lys Asn Gln His Thr Leu
 1 5 10

<210> 34
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 34

Lys Tyr Glu Ala His Val Pro Glu Asn Ala
1 5 10

<210> 35

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 35

Lys Tyr Glu Leu Phe Gly His Ala Val Ser
1 5 10

<210> 36

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 36

Arg Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu
1 5 10

<210> 37

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 37

Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 38

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 38

Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 39

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 39

Cys Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu
 1 5 10

<210> 40

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 40

Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu
1 5

<210> 41

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 41

Arg Tyr Ser Val Ala Leu Ala Trp Leu
1 5

<210> 42

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 42

Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu
1 5

<210> 43

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 43

His Tyr Thr Pro Gln Gln Asn Gly Leu

1 5

<210> 44
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 44

Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu
 1 5

<210> 45
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 45

Gly Tyr Gly Asp Phe Ser Glu Pro Leu
 1 5

<210> 46
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 46

Lys Phe Gly Gln Ile Val Asn Met Leu
 1 5

<210> 47
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 47

Ala Tyr Thr Thr Arg Gly Gly Lys Ile
1 5

<210> 48
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 48

Lys Tyr Asn Pro Asn Pro Asp Gln Ser
1 5

<210> 49
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 49

Arg Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu
1 5

<210> 50
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 50

Lys Tyr Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val
1 5

<210> 51

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 51

Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu
1 5

<210> 52

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 52

Arg Tyr Lys Asp Asn Phe Thr Ala Ala
1 5

<210> 53

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 53

Lys Ala Ile Glu Glu Gly Tyr Arg Leu
1 5

<210> 54

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 54

Lys Tyr Ser Lys Ala Lys Gln Glu Ala
1 5

<210> 55

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 55

Ala Phe Gln Asp Val Gly Ala Cys Ile
1 5

<210> 56

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 56

Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
1 5

<210> 57

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 57

Arg Pro Pro Ser Ala Pro Leu Asn Leu
1 5

<210> 58

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 58

Lys Cys Pro Leu Thr Val Arg Asn Leu
1 5

<210> 59

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 59

Ser Tyr Asn Val Val Cys Lys Lys Cys

1 5

<210> 60
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 60

Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu Leu
 1 5 10

<210> 61
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 61

Met Tyr Cys Gly Ala Asp Gly Glu Trp Leu
 1 5 10

<210> 62
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 62

Gly Tyr Thr Asp Lys Gln Arg Arg Asp Phe
 1 5 10

<210> 63
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 63

Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe
 1 5 10

<210> 64
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 64

Lys Phe Thr Leu Arg Asp Cys Asn Ser Leu
 1 5 10

<210> 65
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 65

Ser Tyr Gly Glu Arg Pro Tyr Trp Asp Met
 1 5 10

<210> 66
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 66

Ile Phe Tyr Phe Ala Leu Phe Ser Cys Leu
1 5 10

<210> 67

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> SYGIVMWEVM

<400> 67

Ser Tyr Gly Ile Val Met Trp Glu Val Met
1 5 10

<210> 68

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 68

Glu Phe Gly Glu Val Cys Ser Gly Arg Leu
1 5 10

<210> 69

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 69

Lys	Tyr	Asn	Pro	Asn	Pro	Asp	Gln	Ser	Val
1				5					10

<210> 70

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 70

Asn	Phe	Thr	Ala	Ala	Gly	Tyr	Thr	Thr	Leu
1				5					10

<210> 71

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 71

Gln	Phe	Asp	His	Pro	Asn	Ile	Ile	His	Leu
1				5					10

<210> 72

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 72

Ala Phe Leu Arg Lys Asn Asp Gly Arg Phe
1 5 10

<210> 73

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 73

Lys Gln Glu Ala Asp Glu Glu Lys His Leu
1 5 10

<210> 74

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 74

Arg Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu
1 5 10

<210> 75

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 75

Arg Val Tyr Ile Glu Ile Lys Phe Thr Leu

1 5 10

<210> 76
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 76

Ser Tyr Val Phe His Val Arg Ala Arg Thr
 1 5 10

<210> 77
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 77

Glu Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
 1 5 10

<210> 78
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 78

Arg Val Tyr Pro Ala Asn Glu Val Thr Leu
 1 5 10

<210> 79
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 79

Glu Tyr Met Glu Asn Gly Ser Leu Asp Ala
1 5 10

<210> 80
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 80

Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe
1 5

<210> 81
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 81

Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu
1 5

<210> 82
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 82

Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe
1 5

<210> 83

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 83

Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile
1 5

<210> 84

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 84

Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe
1 5

<210> 85

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 85

Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile
1 5

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 86

Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu
1 5

<210> 87

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 87

Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu
1 5

<210> 88

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 88

Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu
1 5

<210> 89

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 89

Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu
1 5

<210> 90

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 90

Lys Gln Glu Glu Leu Ile Lys Ala Leu
1 5

<210> 91

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 91

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu

1 5

<210> 92
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 92

Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu
 1 5

<210> 93
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 93

Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu
 1 5

<210> 94
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 94

Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe
 1 5

<210> 95
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 95

Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu
1 5

<210> 96
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 96

Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr
1 5

<210> 97
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 97

Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe
1 5

<210> 98
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 98

Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu
1 5 10

<210> 99

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 99

Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile
1 5 10

<210> 100

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 100

Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile
1 5 10

<210> 101

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 101

Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu
1 5 10

<210> 102

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 102

Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu
1 5 10

<210> 103

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 103

Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu
1 5 10

<210> 104

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 104

Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys
1 5 10

<210> 105

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 105

Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe
1 5 10

<210> 106

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 106

Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Leu
1 5 10

<210> 107

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 107

Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu

1 5 10

<210> 108
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 108

Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr
 1 5 10

<210> 109
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 109

Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu
 1 5 10

<210> 110
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 110

Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
 1 5

<210> 111
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 111

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu
1 5

<210> 112
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 112

Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5 10

<210> 113
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 113

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu Leu
1 5 10

<210> 114
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 114

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5

<210> 115

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 115

Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val
1 5

<210> 116

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 116

Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val
1 5

<210> 117

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 117

Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val
1 5

<210> 118

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 118

Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5

<210> 119

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 119

Arg Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu
1 5

<210> 120

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 120

Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu
1 5

<210> 121

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 121

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5 10

<210> 122

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 122

Val Val Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val
1 5 10

<210> 123

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 123

Gly Leu Leu Glu Ser Pro Ser Pro Gly Thr

1 5 10

<210> 124
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 124

Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr
 1 5 10

<210> 125
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 125

Val Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val
 1 5 10

<210> 126
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 126

Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val Met
 1 5 10

<210> 127
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 127

Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
 1 5 10

<210> 128
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 128

Leu Thr Leu Leu Ser Ile Phe Val Arg Val
 1 5 10

<210> 129
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 129

Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile
 1 5

<210> 130
 <211> 9
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An artificially synthesized peptide sequence

<400> 130

Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
 1 5

<210> 131

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 131

Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu
 1 5

<210> 132

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 132

Glu Tyr Asn Ile Val Lys Arg Asp Val
 1 5

<210> 133

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 133

Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val Leu
 1 5 10

<210> 134

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 134

Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
 1 5 10

<210> 135

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 135

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
 1 5 10

<210> 136

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> DFLEAVKRHI

<400> 136

Asp Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile
 1 5 10

<210> 137

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 137

Arg Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 138

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 138

Arg Pro Phe Val Val Val Gln Ala Arg Leu
 1 5 10

<210> 139

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 139

Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser Ala

1 5 10

<210> 140
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 140

Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu
 1 5

<210> 141
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 141

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
 1 5

<210> 142
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 142

Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
 1 5

<210> 143
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 143

Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
1 5

<210> 144
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 144

Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
1 5

<210> 145
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 145

Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5

<210> 146
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 146

Arg Leu Gly Asp Ser Arg His Arg Ile
1 5

<210> 147

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 147

Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
1 5

<210> 148

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 148

Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val
1 5

<210> 149

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 149

Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile
1 5

<210> 150

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 150

Arg Val Ser Glu Ile Ile Ser Phe Ala
1 5

<210> 151

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 151

Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu
1 5

<210> 152

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 152

Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu
1 5

<210> 153

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 153

Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu
1 5

<210> 154

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 154

Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val
1 5 10

<210> 155

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 155

Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln Phe Phe Ile

1 5 10

<210> 156
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 156

Ala Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
 1 5 10

<210> 157
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 157

Met Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile
 1 5 10

<210> 158
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 158

Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 159
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 159

Ala Leu Gly Ala Ala Cys Leu Leu Leu Leu
1 5 10

<210> 160
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 160

Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
1 5 10

<210> 161
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 161

Arg Leu Ile Gly Trp Asn Asp Trp Ile Ile
1 5 10

<210> 162
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 162

Gln Glu Leu Ala Val Val Pro Val Phe Val
1 5 10

<210> 163

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 163

Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu
1 5 10

<210> 164

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 164

Arg Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5 10

<210> 165

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 165

Gly Leu Asn Pro Gly Thr Val Asn Ser Cys
1 5 10

<210> 166

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 166

Arg Leu Gln Met Arg Gly Arg Pro Asn Ile
1 5 10

<210> 167

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 167

Arg Val Asp Gly Asp Phe Leu Glu Ala Val
1 5 10

<210> 168

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 168

Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu
1 5

<210> 169

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> MYEEKLNIL

<400> 169

Met Tyr Glu Glu Lys Leu Asn Ile Leu
1 5

<210> 170

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 170

Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu
1 5

<210> 171

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 171

Lys Phe Ser Ala Ile Ala Ser Gln Leu

1 5

<210> 172
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 172

Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu
1 5

<210> 173
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 173

Ile Phe Asn Ser Leu Gln Gly Gln Leu
1 5

<210> 174
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 174

Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu
1 5

<210> 175
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 175

Met Phe Glu Ser Thr Ala Ala Asp Leu
1 5

<210> 176
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 176

Ser Phe Asp Ser Gly Ile Ala Gly Leu
1 5

<210> 177
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 177

Arg Phe Ser Ile Trp Ile Ser Phe Phe
1 5

<210> 178
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 178

Ile Phe Ser Ile Arg Ile Leu His Leu
1 5

<210> 179

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 179

Lys Ile Glu Glu Leu Glu Ala Leu Leu
1 5

<210> 180

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 180

Lys Leu Asn Ile Leu Lys Glu Ser Leu
1 5

<210> 181

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 181

Lys Leu Gln Gln Cys Lys Ala Glu Leu
1 5

<210> 182

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 182

Phe Thr Ile Asp Val Asp Lys Lys Leu
1 5

<210> 183

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 183

Gln Leu Gln Glu Val Lys Ala Lys Leu
1 5

<210> 184

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 184

Ile Tyr Asn Glu Leu Leu Tyr Asp Leu Leu
1 5 10

<210> 185

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 185

Arg Ser Leu Ala Leu Ile Phe Asn Ser Leu
1 5 10

<210> 186

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 186

Ser Phe Phe Glu Ile Tyr Asn Glu Leu Leu
1 5 10

<210> 187

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 187

Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu Gln Lys Leu

1 5 10

<210> 188
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 188

Lys Asn Ile Arg Leu Leu Arg Thr Glu Leu
 1 5 10

<210> 189
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 189

Arg Gln Glu Glu Met Lys Lys Leu Ser Leu
 1 5 10

<210> 190
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 190

Arg Val Arg Pro Leu Leu Pro Ser Glu Leu
 1 5 10

<210> 191
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 191

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Arg Ser Pro Leu
1 5 10

<210> 192
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 192

Arg Ile Glu Asn Val Glu Thr Leu Val Leu
1 5 10

<210> 193
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 193

Lys Asn Gln Ser Phe Ala Ser Thr His Leu
1 5 10

<210> 194
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 194

Lys Val Tyr Leu Arg Val Arg Pro Leu Leu
1 5 10

<210> 195

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 195

Asp Ser Met Glu Lys Val Lys Val Tyr Leu
1 5 10

<210> 196

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 196

Lys Tyr Gln Ala Tyr Met Ser Asn Leu
1 5

<210> 197

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 197

Val Tyr Val Pro Leu Lys Glu Leu Leu
1 5

<210> 198

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 198

Glu Tyr His Lys Leu Ala Arg Lys Leu
1 5

<210> 199

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 199

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Thr Lys Phe
1 5

<210> 200

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 200

Lys Tyr Glu Lys Lys Ala Thr Leu Ile
1 5

<210> 201

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 201

Lys Tyr Ala Arg Gly Lys Glu Ala Ile
1 5

<210> 202

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 202

Asp Phe Leu Lys Ile Phe Thr Phe Leu
1 5

<210> 203

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 203

Gly Phe Leu Cys Pro Ser Tyr Glu Leu

1 5

<210> 204
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 204

Leu Phe Asn Val Asp Ala Phe Lys Leu
 1 5

<210> 205
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 205

Ser Phe Asp Glu Met Asn Ala Glu Leu
 1 5

<210> 206
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 206

Ile Phe Thr Phe Leu Tyr Gly Phe Leu
 1 5

<210> 207
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 207

Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile
1 5

<210> 208
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 208

Arg Ile Asn His Glu Arg Asn Glu Leu
1 5

<210> 209
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 209

Ser Phe Met Ser Gly Ala Asp Ser Phe
1 5

<210> 210
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 210

Ile Phe Lys Asp Leu Gly Tyr Pro Phe
1 5

<210> 211

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 211

Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr
1 5

<210> 212

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 212

Lys Ala Leu Asn Lys Lys Met Gly Leu
1 5

<210> 213

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 213

Glu Val Pro Arg Ile Phe Lys Asp Leu
1 5

<210> 214

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 214

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Tyr Val Pro Leu
1 5 10

<210> 215

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 215

Glu Tyr Glu Glu Cys Met Ser Glu Asp Leu
1 5 10

<210> 216

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 216

Lys Tyr Ser Val Ala Asp Ile Glu Arg Ile
 1 5 10

<210> 217

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 217

Asp Tyr Thr Ile Lys Cys Tyr Glu Ser Phe
 1 5 10

<210> 218

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 218

Lys Phe Glu Glu Glu Val Pro Arg Ile Phe
 1 5 10

<210> 219

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 219

Ala Phe Ile Gln Gln Cys Ile Arg Gln Leu

1 5 10

<210> 220
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 220

Arg Ser Gln Asp Val Asn Lys Gln Gly Leu
 1 5 10

<210> 221
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 221

Arg Thr Leu Lys Glu Glu Val Gln Lys Leu
 1 5 10

<210> 222
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 222

Arg Gly Lys Glu Ala Ile Glu Thr Gln Leu
 1 5 10

<210> 223
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 223

Arg Ala Leu Asn Glu Gln Ile Ala Arg Leu
 1 5 10

<210> 224
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 224

Glu Tyr Gln Leu Val Val Gln Thr Thr Thr
 1 5 10

<210> 225
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 225

Glu Thr Glu Glu Glu Ile Asn Lys Ala Leu
 1 5 10

<210> 226
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 226

Leu Leu Glu Ser Thr Val Asn Gln Gly Leu
1 5 10

<210> 227

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 227

Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val
1 5

<210> 228

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 228

Lys Gln Ile Tyr Ala Ile Lys Tyr Val
1 5

<210> 229

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 229

Asn Met Leu Glu Ala Val His Thr Ile
1 5

<210> 230

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 230

Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys Asp Val
1 5

<210> 231

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 231

Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu
1 5

<210> 232

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 232

Tyr Val Leu Gly Gln Leu Val Gly Leu
1 5

<210> 233

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 233

Ser Leu Gly Cys Ile Leu Tyr Tyr Met
1 5

<210> 234

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 234

Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val
1 5

<210> 235

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 235

Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val

1 5

<210> 236
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 236

Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu
 1 5

<210> 237
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 237

Ser Leu Leu Ala Lys Leu Glu Glu Thr
 1 5

<210> 238
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 238

Leu Phe Glu Arg Gly Glu Arg Arg Leu
 1 5

<210> 239
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 239

Leu Leu Ala His Pro Tyr Val Gln Ile
1 5

<210> 240
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 240

Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala
1 5

<210> 241
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 241

Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys Gln Leu
1 5

<210> 242
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 242

Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val
1 5

<210> 243

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 243

Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile
1 5

<210> 244

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 244

Phe Ala Phe Val His Ile Ser Phe Ala
1 5

<210> 245

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 245

Cys Glu Leu Arg Asn Leu Lys Ser Val
1 5

<210> 246

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 246

Ser Ile Leu Lys Ala Ala Lys Thr Leu
1 5

<210> 247

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 247

Leu Leu Leu Lys Leu Glu Lys Asn Ser Val
1 5 10

<210> 248

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 248

Asn Leu Leu Asn Ser Pro Asp Cys Asp Val
 1 5 10

<210> 249

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 249

Phe Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu
 1 5 10

<210> 250

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 250

Thr Thr Phe Glu Gln Pro Val Phe Ser Val
 1 5 10

<210> 251

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 251

Val Leu Asn Glu Lys Lys Gln Ile Tyr Ala

1 5 10

<210> 252
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 252

Gly Met Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ile
 1 5 10

<210> 253
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 253

Leu Leu Ser Glu Glu Glu Lys Lys Asn Leu
 1 5 10

<210> 254
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 254

Tyr Met Ser Cys Phe Arg Thr Pro Val Val
 1 5 10

<210> 255
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 255

Met Met Ala Asn Asn Pro Glu Asp Trp Leu
 1 5 10

<210> 256
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 256

Met Val Met Glu Cys Gly Asn Ile Asp Leu
 1 5 10

<210> 257
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 257

Tyr Met Pro Pro Glu Ala Ile Lys Asp Met
 1 5 10

<210> 258
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 258

Lys Leu Ile Gly Arg Tyr Ser Gln Ala Ile
1 5 10

<210> 259

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 259

Asn Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val
1 5 10

<210> 260

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 260

Gln Ile Leu Ala Thr Pro Leu Gln Asn Leu
1 5 10

<210> 261

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 261

Leu Ile Val Asp Gly Met Leu Lys Leu Ile
1 5 10

<210> 262

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 262

Asn Leu Asn Leu Gln Lys Lys Gln Leu Leu
1 5 10

<210> 263

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 263

Gln Met Gln Pro Asp Thr Thr Ser Val Val
1 5 10

<210> 264

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 264

Lys Gly Thr Thr Glu Glu Met Lys Tyr Val
 1 5 10

<210> 265

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequenc

<400> 265

Leu Thr Ile Asp Ser Ile Met Asn Lys Val
 1 5 10

<210> 266

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 266

Lys Leu Gln Gln His Ser Asp Lys Ile Ile
 1 5 10

<210> 267

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 267

Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val

1 5

<210> 268
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 268

Gly Leu Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu
 1 5

<210> 269
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 269

Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val
 1 5

<210> 270
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 270

Ala Leu Leu Ala Leu Leu Val Val
 1 5

<210> 271
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 271

Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu Leu Ala
1 5

<210> 272
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 272

Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu
1 5

<210> 273
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 273

Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala
1 5

<210> 274
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 274

Phe Met Val Ala Lys Gln Cys Ser Ala
1 5

<210> 275

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 275

Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu
1 5

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 276

Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val
1 5

<210> 277

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 277

Ala Ile Leu Leu Leu Ala Ser Ile
1 5

<210> 278

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 278

Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr Asp Ala
1 5

<210> 279

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 279

Ser Met Gly Glu Ser Cys Gly Gly Leu
1 5

<210> 280

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 280

Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala
1 5

<210> 281

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 281

Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr
1 5

<210> 282

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 282

Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr
1 5

<210> 283

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 283

Phe Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe

1 5

<210> 284
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 284

Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala Leu
 1 5

<210> 285
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 285

Gly Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu
 1 5

<210> 286
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 286

Leu Leu Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val
 1 5 10

<210> 287
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 287

Gly Leu Trp Leu Ala Ile Leu Leu Leu Leu
1 5 10

<210> 288
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 288

Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Gly Leu
1 5 10

<210> 289
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 289

Thr Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val
1 5 10

<210> 290
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 290

Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala Leu
1 5 10

<210> 291

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 291

Phe Leu Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe
1 5 10

<210> 292

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 292

Ile Leu Leu Leu Leu Ala Ser Ile Ala Ala
1 5 10

<210> 293

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 293

Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val Ala
 1 5 10

<210> 294

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 294

Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val Ala
 1 5 10

<210> 295

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 295

Leu Val Val Ala Leu Pro Arg Val Trp Thr
 1 5 10

<210> 296

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 296

Met Ala Leu Leu Ala Leu Leu Leu Val Val
1 5 10

<210> 297

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 297

Arg Leu Gln Arg Pro Arg Gln Ala Pro Ala
1 5 10

<210> 298

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 298

Cys Gln Asn Pro Arg Arg Cys Lys Trp Thr
1 5 10

<210> 299

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 299

Arg Val Trp Thr Asp Ala Asn Leu Thr Ala

1 5 10

<210> 300
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 300

Trp Ala Pro Leu Gly Thr Met Ala Leu Leu
 1 5 10

<210> 301
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 301

Thr Glu Pro Tyr Cys Val Ile Ala Ala Val
 1 5 10

<210> 302
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 302

Leu Glu Glu Pro Met Pro Phe Phe Tyr Leu
 1 5 10

<210> 303
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 303

Leu Glu Gly Pro Pro Ile Asn Ser Ser Val
 1 5 10

<210> 304
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 304

Tyr Leu Lys Cys Cys Lys Ile Arg Tyr Cys
 1 5 10

<210> 305
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 305

Val Lys Ile Phe Pro Arg Phe Phe Met Val
 1 5 10

<210> 306
 <211> 9
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 306

Lys Ile Phe Pro Ser Lys Arg Ile Leu
1 5

<210> 307

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 307

Arg Gly Ser Val Leu Glu Gly Val Leu
1 5

<210> 308

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 308

Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu
1 5

<210> 309

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 309

Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu
1 5

<210> 310

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 310

Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu
1 5

<210> 311

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 311

Asn Gln Ser Pro Val Arg Gln Val Leu
1 5

<210> 312

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 312

Lys Gln Asp Thr Tyr Asp Val His Leu
1 5

<210> 313

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 313

Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala
1 5

<210> 314

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 314

Gly Trp Leu Leu Leu Asn Lys Pro Leu
1 5

<210> 315

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 315

Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu

1 5

<210> 316
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 316

Thr Ala Pro Pro Tyr Asp Thr Leu Leu
 1 5

<210> 317
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 317

Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu
 1 5

<210> 318
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 318

Ala Leu Leu Phe Leu Leu Val Leu
 1 5

<210> 319
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 319

Val Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu
1 5

<210> 320
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 320

Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu
1 5

<210> 321
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 321

Asp Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu
1 5

<210> 322
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 322

Gly Pro Leu Ala Ser Leu Leu Leu Leu
1 5

<210> 323

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 323

Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu
1 5

<210> 324

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 324

Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu
1 5

<210> 325

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 325

Asn Asn Ile Tyr Glu Val Met Val Leu
1 5

<210> 326

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 326

Leu Leu Leu Leu Gln Val Cys Trp Leu
1 5

<210> 327

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 327

Gly Cys Pro Gly Gln Glu Pro Ala Leu
1 5

<210> 328

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 328

Glu Tyr Thr Leu Thr Ile Gln Ala Thr
1 5

<210> 329

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 329

Glu Thr Val Gln Glu Arg Arg Ser Leu
1 5

<210> 330

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 330

Ser Tyr Arg Ile Leu Arg Asp Pro Ala
1 5

<210> 331

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 331

Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu

1 5

<210> 332
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 332

Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu
 1 5

<210> 333
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 333

Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu
 1 5

<210> 334
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 334

His Pro Glu Ser Asn Gln Gly Ile Leu
 1 5

<210> 335
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 335

Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu
1 5

<210> 336
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 336

Glu Gly Asp Thr Val Val Leu Ser Leu
1 5

<210> 337
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 337

Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu
1 5

<210> 338
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 338

Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu
1 5

<210> 339

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 339

Glu Trp Gly Ser Arg Phe Lys Lys Leu
1 5

<210> 340

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 340

Lys Val Val Glu Val Gln Glu Gly Ile
1 5

<210> 341

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 341

Thr Tyr Asp Val His Leu Ser Leu Ser
1 5

<210> 342

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 342

Phe Tyr Ser Ile Thr Gly Pro Gly Ala
1 5

<210> 343

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 343

Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala
1 5

<210> 344

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 344

Phe Ile Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu
 1 5 10

<210> 345

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 345

Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu
 1 5 10

<210> 346

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 346

Gly Thr Ile Ser Val Ile Ser Ser Gly Leu
 1 5 10

<210> 347

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 347

Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Ser Asp Ala Ala

1 5 10

<210> 348
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 348

Thr Val Val Leu Ser Leu Lys Lys Phe Leu
 1 5 10

<210> 349
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 349

Phe Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu
 1 5 10

<210> 350
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 350

Ala Leu Leu Phe Leu Leu Val Leu Leu
 1 5 10

<210> 351
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 351

Ser Gln Glu Pro Lys Asp Pro His Asp Leu
 1 5 10

<210> 352
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 352

Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu
 1 5 10

<210> 353
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 353

Gly Ala Glu Gln Glu Pro Gly Gln Ala Leu
 1 5 10

<210> 354
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 354

Gly Ala Val Leu Ala Leu Leu Phe Leu Leu
1 5 10

<210> 355

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 355

Val Asn Glu Glu Gly Asp Thr Val Val Leu
1 5 10

<210> 356

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 356

Asn Ala Val Gly His Glu Val Gln Arg Leu
1 5 10

<210> 357

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 357

Thr Asn Glu Ala Pro Phe Val Leu Lys Leu
1 5 10

<210> 358

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 358

Glu Asn Gln Lys Ile Ser Tyr Arg Ile Leu
1 5 10

<210> 359

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 359

Ser Leu Leu Leu Leu Gln Val Cys Trp Leu
1 5 10

<210> 360

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 360

Gly Leu Glu Ala Arg Pro Glu Val Val Leu
1 5 10

<210> 361

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 361

Glu Val Gln Arg Leu Thr Val Thr Asp Leu
1 5 10

<210> 362

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 362

Gly Leu Pro Arg Gly Pro Leu Ala Ser Leu
1 5 10

<210> 363

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 363

Leu Pro Val Leu Gly Ala Val Leu Ala Leu

1 5 10

<210> 364
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 364

Gln Val Leu Asn Ile Thr Asp Lys Asp Leu
 1 5 10

<210> 365
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 365

Ala Val Glu Lys Glu Thr Gly Trp Leu Leu
 1 5 10

<210> 366
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 366

Ser Gly Gln Val Thr Ala Val Gly Thr Leu
 1 5 10

<210> 367
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 367

Gln Gly Ile Leu Thr Thr Arg Lys Gly Leu
 1 5 10

<210> 368
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 368

Ser Pro Pro Thr Thr Gly Thr Gly Thr Leu
 1 5 10

<210> 369
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 369

Asn Ser Pro Ala Trp Arg Ala Thr Tyr Leu
 1 5 10

<210> 370
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 370

Gly Pro Phe Pro Gln Arg Leu Asn Gln Leu
1 5 10

<210> 371

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 371

Glu Ile Gly Asn Phe Ile Ile Glu Asn Leu
1 5 10

<210> 372

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 372

Thr Thr Ala Val Ala Val Val Glu Ile Leu
1 5 10

<210> 373

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 373

Ile Tyr Thr Tyr Asn Gly Val Val Ala Tyr
1 5 10

<210> 374

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 374

Asp Tyr Asp Tyr Leu Asn Glu Trp Gly Ser
1 5 10

<210> 375

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 375

Ala Leu Phe Ser Cys Leu Phe Gly Ile
1 5

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 376

Gly Leu Asn Pro Leu Thr Ser Tyr Val
1 5

<210> 377

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 377

Cys Leu Phe Gly Ile Cys Asp Ala Val
1 5

<210> 378

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 378

Gln Met His Gly Arg Met Val Pro Val
1 5

<210> 379

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 379

Lys Leu Asn Thr Glu Ile Arg Asp Val

1 5

<210> 380
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 380

Trp Leu Val Pro Ile Gly Asn Cys Leu
 1 5

<210> 381
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 381

Lys Leu Ile Arg Asn Pro Asn Ser Leu
 1 5

<210> 382
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 382

Val Val Ile Leu Ile Ala Ala Phe Val
 1 5

<210> 383
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 383

Val Met Trp Glu Val Met Ser Tyr Gly
1 5

<210> 384
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 384

Gly Ile Gly Ser Gly Met Lys Tyr Leu
1 5

<210> 385
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 385

Asn Ile Leu Val Asn Ser Asn Leu Val
1 5

<210> 386
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 386

Thr Thr Leu Glu Ala Val Val His Val
1 5

<210> 387

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 387

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu
1 5

<210> 388

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 388

Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr
1 5

<210> 389

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 389

Val Met Glu Ser Leu Glu Gly Leu Leu
1 5

<210> 390

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 390

Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5

<210> 391

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 391

Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu Thr Leu Leu
1 5 10

<210> 392

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 392

Leu Asn Leu Tyr Leu Leu Gly Val Val Leu
1 5 10

<210> 393

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 393

Leu Ala Asn Thr Glu Pro Thr Lys Gly Leu
1 5 10

<210> 394

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 394

Ser Ile Phe Val Arg Val Met Glu Ser Leu
1 5 10

<210> 395

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 395

Leu Tyr Leu Lys Leu Leu Pro Tyr Val

1 5

<210> 396
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 396

Ile Ser Asn Glu Gly Asn Gln Asn Leu
 1 5

<210> 397
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 397

Arg Ser Gly Trp His Thr Phe Pro Leu
 1 5

<210> 398
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 398

Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu
 1 5

<210> 399
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 399

Ala Tyr Leu Ala Gly Val Pro Gly Ser
1 5

<210> 400
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 400

Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
1 5

<210> 401
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 401

Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu
1 5

<210> 402
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 402

Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu
1 5

<210> 403

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 403

Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu
1 5

<210> 404

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 404

Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala
1 5

<210> 405

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 405

Phe Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu
1 5

<210> 406

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 406

Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu
1 5

<210> 407

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 407

Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu Ile
1 5

<210> 408

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 408

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
1 5

<210> 409

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 409

Gln Gln Phe Phe Ile Asp Phe Arg Leu
1 5

<210> 410

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 410

Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
1 5

<210> 411

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 411

Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser

1 5

<210> 412
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 412

Gln Asn Leu Phe Val Val Gln Ala Ser Leu
 1 5 10

<210> 413
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 413

Asp Val Gln Cys Asp Ser Cys Gln Glu Leu
 1 5 10

<210> 414
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 414

Val Val Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu
 1 5 10

<210> 415
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 415

Leu Tyr Phe Asp Asp Glu Tyr Asn Ile Val
 1 5 10

<210> 416
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 416

Phe Pro Leu Thr Glu Ala Ile Gln Ala Leu
 1 5 10

<210> 417
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 417

Arg Thr Asn Leu Cys Cys Arg Gln Gln Phe
 1 5 10

<210> 418
 <211> 10
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 418

Ala Ala Met Val Thr Ala Leu Arg Lys Leu
1 5 10

<210> 419

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 419

Val Asn Ser Cys Cys Ile Pro Thr Lys Leu
1 5 10

<210> 420

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 420

Cys Leu Leu Leu Leu Ala Ala Gly Trp Leu
1 5 10

<210> 421

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 421

Val Val Asn Gln Tyr Arg Met Arg Gly Leu
1 5 10

<210> 422

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 422

Asp Gly Leu Ala Ser Ser Arg Val Arg Leu
1 5 10

<210> 423

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 423

Gly Leu Glu Cys Asp Gly Arg Thr Asn Leu
1 5 10

<210> 424

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 424

Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr
1 5 10

<210> 425

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 425

Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu Leu
1 5 10

<210> 426

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 426

Trp Asn Met Val Glu Lys Arg Val Asp Leu
1 5 10

<210> 427

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 427

Phe Leu Glu Ala Val Lys Arg His Ile Leu

1 5 10

<210> 428
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 428

Tyr Cys Glu Gly Ser Cys Pro Ala Tyr Leu
 1 5 10

<210> 429
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 429

Ala Val Lys Arg His Ile Leu Ser Arg Leu
 1 5 10

<210> 430
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 430

Gln Ala Ser Leu Trp Leu Tyr Leu Lys Leu
 1 5 10

<210> 431
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 431

Gly Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser
 1 5 10

<210> 432
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 432

Leu Tyr Phe Phe Ile Ser Asn Glu Gly Asn
 1 5 10

<210> 433
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220>
 <223> An Artificially synthesized peptide sequence

<400> 433

Tyr Tyr Gly Asn Tyr Cys Glu Gly Ser Cys
 1 5 10

<210> 434
 <211> 9
 <212> PRT

