

[19] 中华人民共和国国家知识产权局



[12] 发明专利申请公开说明书

[21] 申请号 200510114233.5

[51] Int. Cl.

C07K 19/00 (2006.01)

C12N 15/62 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

A61K 38/16 (2006.01)

A61P 31/18 (2006.01)

[43] 公开日 2006 年 4 月 26 日

[11] 公开号 CN 1763106A

[22] 申请日 2005.10.21

[21] 申请号 200510114233.5

[71] 申请人 中国科学院生物物理研究所

地址 100101 北京市朝阳区大屯路中国科学院生物物理研究所

[72] 发明人 李志强 高光侠

[74] 专利代理机构 北京纪凯知识产权代理有限公司

代理人 关 畅

权利要求书 1 页 说明书 28 页 附图 2 页

[54] 发明名称

一种抗病毒的融合蛋白及其编码基因与应用

[57] 摘要

本发明公开了一种抗病毒的融合蛋白及其编码基因与应用。本发明的抗病毒融合蛋白，是具有下述氨基酸残基序列之一的蛋白质：1)序列表中的 SEQ ID No: 1; 2)将序列表中 SEQ ID No: 1 的氨基酸残基序列经过一个或几个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加且可降解 HIV 病毒 RNA 的蛋白质。该融合蛋白对 HIV 病毒感染具有明显的抑制作用，可用于制备预防和/或治疗艾滋病的药物。

1、一种抗病毒的融合蛋白，是具有下述氨基酸残基序列之一的蛋白质：

1) 序列表中的 SEQ ID №: 1;

2) 将序列表中 SEQ ID №: 1 的氨基酸残基序列经过一个或几个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加且可特异性降解 HIV 病毒 RNA 的蛋白质。

2、根据权利要求 1 所述的抗病毒的融合蛋白，其特征在于：所述病毒为 HIV 病毒。

3、权利要求 1 或 2 所述的抗病毒的融合蛋白的编码基因。

4、根据权利要求 3 所述基因，其特征在于：所述抗病毒的融合蛋白的编码基因具有下述核苷酸序列之一：

1) 序列表中 SEQ ID №: 2 的核苷酸序列；

2) 编码序列表中 SEQ ID №: 1 蛋白质序列的 DNA；

3) 在高严谨条件下可与序列表中的 SEQ ID №: 2 限定的 DNA 序列杂交的核苷酸序列。

5、含有权利要求 3 或 4 所述抗病毒的融合蛋白的编码基因的表达载体。

6、含有权利要求 3 或 4 所述抗病毒的融合蛋白的编码基因的细胞系。

7、含有权利要求 3 或 4 所述抗病毒的融合蛋白的编码基因的宿主菌。

8、权利要求 1、2 所述的抗病毒的融合蛋白及其编码基因在制备抗病毒药物中的应用。

9、根据权利要求 8 所述的应用，其特征在于：所述病毒为 HIV 病毒。

10、根据权利要求 9 所述的应用，其特征在于：所述抗病毒药物为预防和/或治疗艾滋病的药物。

## 一种抗病毒的融合蛋白及其编码基因与应用

### 技术领域

本发明涉及一种抗病毒的融合蛋白及其编码基因与应用。

### 背景技术

核糖核酸（RNA）是生命活动中不可缺少的重要分子，具有传递遗传信息、编码蛋白质等许多功能。有害 RNA 的产生导致多种疾病的发生。

HIV 病毒是一种 RNA 病毒，其基因组 RNA 是病毒遗传信息的携带者，病毒 RNA 也是翻译病毒蛋白的模板。HIV 所引起的艾滋病是当今世界上对人类健康威胁最大的流行性传染病。在过去的十几年中，各国投入了巨大的努力和巨额资金致力于研制开发抗艾滋病的药物，目前世界上批准用于临床的抗艾滋病药物已有近二十种。但是，已有的任何一种药物都不能完全清除人体内的 HIV 病毒，几种药物组合使用的效果会优于单一药物治疗，但也不能完全清除 HIV 病毒。HIV 在复制过程中有很高的突变率，病人体内的病毒呈异源性，其中一些病毒具有抗药性，当治疗进行到一定阶段时，这些抗药病毒的数量会逐渐占据优势，使得现有的治疗无效。而且这些抗病毒药物的长期毒性已在临幊上显示出来。开发一种无副作用而且不会产生抗药性的抗艾滋病药物是本领域每一个科学家的梦想。抗艾滋病药物的副作用来源于药物作用的不专一性；抗药性的产生则是因为 HIV 病毒具有非常高的突变率，使作为药物靶点的病毒蛋白可以通过少至一个氨基酸的改变而逃避药物的抑制作用，但不影响病毒蛋白自身的功能。因此，理想的抗艾滋病药物应对 HIV 病毒具有极高的特异性，对作用靶点的突变又有一定的包容性。

HIV 是一种逆转录病毒，在感染过程中首先通过病毒表面包膜蛋白（envelope）与其受体的相互作用吸附到细胞表面，然后病毒质膜与细胞质膜融合，裸露的病毒颗粒进入到细胞中。在细胞质中病毒的 RNA 被逆转录成双链 DNA，这段 DNA 存在于由病毒蛋白及宿主蛋白组成的整合前复合体（Pre-Integration Complex，简称 PIC）中。PIC 由细胞质膜附近迁移到核膜附近并进入细胞核。在细胞核中病毒 DNA 由病毒的整

合酶整合到宿主细胞的染色体中。上述过程度被称为逆转录病毒生命周期的前期。整合的病毒 DNA 被转录成 RNA，其中大部分经过剪切后作为模板翻译产生病毒蛋白，小部分全长 RNA 作为病毒遗传物质被病毒蛋白包装成病毒颗粒出芽到细胞外成为未成熟病毒。在未成熟病毒中一些病毒蛋白以融合蛋白形式存在，经过病毒蛋白酶剪切后病毒颗粒结构重组成为有感染性的成熟病毒，此过程称为逆转录病毒生命周期的后期。

在 HIV 复制过程中，病毒自身编码的 Tat 蛋白发挥着重要作用。Tat 是一种 RNA 结合蛋白，能够特异性结合到 HIV 病毒 RNA 上的 TAR 序列：gggtctctctggtagaccag atctgaggcctgggagctctggctaacttaggaaacccactgccttaagcctaataagct (ROBERT A. MARCINIAK, MARIANO A. GARCIA-BLANCO, AND PHILLIP A. SHARP. (1990) Identification and characterization of a HeLa nuclear protein that specifically binds to the trans-activation-response (TAR) element of human immunodeficiency virus. PNAS, Vol. 87, pp. 3624–3628.)。Tat 通过结合 TAR 序列实现 HIV 基因组的持续转录，是 HIV 生命周期中不可缺少的一环。

ZAP 是一个抗病毒因子，通过在胞质中特异性降解病毒 RNA 从而抑制某些病毒的复制，如鼠白血病病毒 (MLV)、辛德比斯病毒 (SIN)。但是 ZAP 对 HIV 病毒作用并不明显。ZAP 作用机理的研究结果表明，ZAP 本身不具有 RNA 酶的活性，但是能特异性结合到病毒 RNA 的特定序列上，并招募细胞内具有降解 RNA 功能的蛋白复合物 Exosome 而特异地降解所结合的 RNA。

## 发明内容

本发明的目的是提供一种抗病毒的融合蛋白及其编码基因与应用。

本发明所提供的抗病毒的融合蛋白，名称为 ZAP-Tat，是具有下述氨基酸残基序列之一的蛋白质：

- 1) 序列表中的 SEQ ID No: 1;
- 2) 将序列表中 SEQ ID No: 1 的氨基酸残基序列经过一个或几个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加且可特异性降解 HIV 病毒 RNA 的蛋白质。

所述一个或几个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加是指不多于十个氨基酸残基的取代和/或缺失和/或添加。

序列表中的 SEQ ID №: 1 由 904 个氨基酸残基组成。自氨基端的第 1 位至 776 位氨基酸残基为 ZAP，自氨基端的第 777 位至 805 位氨基酸残基为 linker，自氨基端的第 806 位至 881 位氨基酸残基为 Tat，自氨基端的第 884 位至 893 位氨基酸残基为 myc，自氨基端的第 899 位至 904 位氨基酸残基为 6×HIS。

上述抗病毒的融合蛋白（ZAP-Tat）的编码基因也属于本发明的保护范围。

抗病毒的融合蛋白（ZAP-Tat）的编码基因，可具有下述核苷酸序列之一：

- 1) 序列表中 SEQ ID №: 2 的核苷酸序列；
- 2) 编码序列表中 SEQ ID №: 1 蛋白质序列的 DNA；
- 3) 在高严谨条件下可与序列表中的 SEQ ID №: 2 限定的 DNA 序列杂交的核苷酸序列。

序列表中的 SEQ ID №: 2 由 2712 个核苷酸组成。自 5' 端的第 1 位至 2328 位核苷酸为 ZAP 编码序列，自 5' 端的第 2329 位至 2415 位核苷酸为 linker 的编码序列，自 5' 端的第 2416 位至 2643 位核苷酸为 Tat 的编码序列，自 5' 端的第 2650 位至 2679 位核苷酸为 myc 的编码序列，自 5' 端的第 2695 位至 2712 位核苷酸为 myc 的编码序列。

所述高严谨条件可为用 0.1×SSPE（或 0.1×SSC），0.1% SDS 的溶液，在 65℃ 下杂交并洗膜。

含有本发明基因的表达载体、细胞系及宿主菌均属于本发明的保护范围。

本发明的融合蛋白包括可与病毒 TAR 序列特异结合的 RNA 结合蛋白亚基（Tat）和具有降解 RNA 功能的蛋白亚基（ZAP），该融合蛋白通过 RNA 结合蛋白亚基结合到特定的靶 RNA 上，RNA 降解亚基招募细胞内的 RNA 酶，降解融合蛋白所结合的特定 RNA。本发明的融合蛋白对 HIV 病毒具有明显的抑制效果可用于制备抗病毒的药物，如制备预防和/或治疗艾滋病的药物。

## 附图说明

图 1 为 ZAP-Tat 等质粒酶切电泳图。

图 2 为利用 Western 免疫杂交方法检测 ZAP-Tat 等在细胞内的表达。

图 3 为分析 ZAP-Tat 对 HIV 载体表达的抑制效果。

## 具体实施方式

下述实施例中的实验方法，如无特别说明，均为常规方法。

### 实施例 1、融合蛋白 ZAP-Tat 的表达

本实施例中，首先在 ZAP 的 C一端接上联接肽序列（命名为 ZAP-linker），并证明了该联接肽序列不影响 ZAP 的功能。然后，将 Tat 通过联接肽序列（linker）融合到 ZAP 的 C一端，成为 ZAP-Tat。使用联接肽序列的目的是将 ZAP 和 Tat 两个结构域分开，使之不互相干扰彼此的活性。作为对照，还构建了 N一端含有 69 个来自 ZAP 的氨基酸残基的 Tat（命名为 dTat）。

#### 1、linker 的制备

利用化学合成方法合成 5' →3' 链具有以下序列的一段双链 DNA：5' -GGT GGA GGC TCT GGG GGA GGT ACA GGA GGT GGC TCA GGT GGG GGC ACT GGT GGA GGC AGT GGA GGT GGC-3'。该序列编码一段联接肽序列。然后对其用如下的引物进行 PCR 扩增，所用引物引入克隆所需的酶切位点：

上游引物：linker sp:

5' - ATATAGGCGGCCGCTCGAGTGGTGGAGGCTCTGG-3' （下划线部分核苷酸为 *Not* I 酶切识别位点，方框内的核苷酸序列为 *Xho* I 酶切识别位点）

下游引物：linker ap:

5' - ATATAGGGGCCCTTGGCGCCGATATCGCCACCTCCACTGCCTC-3' （下划线部分核苷酸为 *Apa* I 酶切识别位点，方框内的核苷酸序列为 *EcoR* V 酶切识别位点， *GGCGCC* 为 *Kas* I 酶切识别位点）

PCR 的反应体系为：

1μl 模板 DNA (5pM/μl)，1μl 上游引物(50μM)，1μl 下游引物(50μM)，1μl Tag 酶，4μl dNTP 混合物(2.5mM)，5μl PCR 反应缓冲液 (10×)，37μl dH<sub>2</sub>O。

PCR 的反应程序为：94℃退火 2min，然后 94℃，30sec；55℃，30sec；72℃，30sec 共 25 个循环。

得到的 PCR 产物进行凝胶电泳，结果表明得到 124bp 的条带，结果如图 1 中的泳道 2 所示，回收该条带的 DNA，对其测序表明所获得的 PCR 片段即包含 *Not* I—*Xho* I—联接序列—*EcoRV*—*KasI*—*Apa* I 的 DNA 片段。把该 DNA 片段命名为 linker。

图 1 中，泳道 1 和 9 是 DL2000 plus 的 marker；泳道 2 是 linker 的 PCR 产物；泳道 3 是 Tat 的 PCR 产物；泳道 4 是 pNZAP-Tat 用 *Xba* I 和 *Nhe* I 双酶切的片段；泳

道 5 是 pZAP-Tat 用 Nhe I 和 Not I 双酶切的片段；泳道 6 是 pNZAPlinker 用 EcoR I 和 Not I 双酶切的片段；泳道 7 是 pZAPlinker 用 Nhe I 和 Not I 双酶切的片段；泳道 8 是 pdTat 用 Xho I 和 EcoR I 双酶切的片段。

#### 2、在质粒 pcDNA4/T0/myc-His B 中插入 linker:

pcDNA4/T0/myc-His B(从 Invitrogen 购买)，用 Not I 和 Apa I 双酶切 pcDNA4/T0/myc-His B，切胶回收得到 5133bp 的大片段，将步骤 1 所获得的 PCR 片段也用 Not I 和 Apa I 双酶切，切胶回收得到 109bp 片段，二者连接，转化大肠杆菌 TOP10，在含有 50 μ g/ml 氨苄青霉素的 LB 固体培养基上培养 12 小时，挑取单克隆进行培养。提取质粒，用引物 linker sp 和 linker ap 进行 PCR 验证，得到 124bp 片段，结果如图 1 所示。对质粒进行测序，结果表明该质粒含有该段 linker 序列，将该质粒命名为 pcDNA4/T0/linker/myc-His B。

#### 3、在质粒 pcDNA4/T0/linker/myc-His B 中插入 NZAP 序列:

将pcDNA4/T0/linker/myc-His B用EcoRI和NotI双酶切，切胶回收得到5215bp的大片段。质粒pNZAP-myc (pNZAP-myc的构建方法见：Guangxia Gao, Xuemin Guo, Stephen P. Goffl. (2002) Inhibition of Retroviral RNA Production by ZAP, a CCCH-Type Zinc Finger Protein. SCIENCE VOL 297, 1703-1706），含有序列表中序列14（编码序列表中序列13的NZAPmyc）的NZAPmyc编码基因，也用EcoRI和NotI双酶切，切胶回收得到1088的片段，二者连接，转化大肠杆菌TOP10，在含有50 μ g/ml 氨苄青霉素的LB固体培养基上培养12小时，挑取单克隆进行培养。提取质粒，用EcoRI 和NotI双酶切得到了5215bp的pcDNA4/T0/linker/myc-His B片段和1088bp的NZAP片段，结果如图1中泳道6所示。对质粒进行测序，结果表明该质粒含有序列表中序列6的核苷酸序列，编码序列表中序列5的NZAP-linker-myc，将该质粒命名为 pNZAPlinker。

#### 4、在载体 pNZAPlinker 上插入 Tat 蛋白编码序列

以质粒 pCMVTat (pCMVTat 的构建方法见文献：NARASIMHACHAR SRINIVASAKUMAR, NATHALIE CHAZAL, C. HELGA-MARIA, SUSAN PRASAD, MARIE-LOUISE HAMMARSKJOLD, AND DAVID REKOSH. (1997) The Effect of Viral Regulatory Protein Expression on Gene Delivery by Human Immunodeficiency Virus Type 1 Vectors Produced in Stable Packaging Cell Lines. JVI, Vol. 71, No. 8, 5841 - 5848) 作为模板，然后对其用如下的引物进行 PCR 扩增，所用引物引入克隆所需的酶切位点：

上游引物： TAT SP:

5' - GGCCGCGCTGCTGAGCC - 3'

下游引物：TAT AP:

5' - ATATAGTCGAACCGCGGCTGCTTGATAGA - 3' (下划线部分核苷酸为 BstB I 酶切识别位点)

PCR 的反应体系为：

1 $\mu$ l 模板 (0.1 $\mu$ g/ $\mu$ l), 1 $\mu$ l 上游引物(50 $\mu$ M), 1 $\mu$ l 下游引物(50 $\mu$ M), 0.25 $\mu$ l Taq 酶, 4 $\mu$ l dNTP 混合物(2.5mM), 5 $\mu$ l PCR buffer (10 $\times$ ), 37.75 $\mu$ l dH2O。

PCR 的反应程序为：

94°C 退火 2min, 然后 94°C, 30sec; 55°C, 30sec; 72°C, 30sec 共 25 个循环。

得到的 PCR 产物进行凝胶电泳, 结果表明得到 243bp 的条带, 结果如图 1 中的泳道 3 所示, 回收该条带的 DNA, 用 BstB I 酶切, 切胶回收含有 Tat 基因的小片段 233bp; 载体 pNZAPlinker 用 EcoR V 和 BstB I 酶切, 切胶回收含有 NZAP 和 linker 编码基因的大片段 6271bp, 二者连接, 转化大肠杆菌 TOP10, 在含有 50  $\mu$  g/ml 氨苄青霉素的 LB 固体培养基上培养 12 小时, 挑取单克隆进行培养, 提取质粒, 用 Xba I 和 Nhe I 双酶切, 得到 6027bp 和 477bp 的片段, 结果如图 1 中泳道 4 所示。该质粒命名为 pNZAP-Tat, 含有序列表中 SEQ ID №: 10 的核苷酸序列, 编码序列表中序列 9 的 NZAP-Tat/myc。

#### 5、ZAP-Tat 的表达载体 pZAP-Tat 的构建

将 pNZAP-Tat 用 *AfI* II 和 *Not* I 双酶切, 凝胶电泳回收 5372bp 大片段作为载体, pZAP-myc (pZAP-myc 的构建方法见: Guangxia Gao, Xuemin Guo, Stephen P. Goff1. (2002) Inhibition of Retroviral RNA Production by ZAP, a CCCH-Type Zinc Finger Protein. SCIENCE VOL 297, 1703-1706) 用 *AfI* II 和 *Not* I 双酶切, 回收 2701bp 的 ZAP 片段, 与上面制备的载体连接, 转化大肠杆菌 TOP10, 在含有 50  $\mu$  g/ml 氨苄青霉素的 LB 固体培养基上培养 12 小时, 挑取单克隆进行培养, 提取质粒用 *NheI* 和 *Not* I 双酶切, 得到 6141bp 的载体片段和 1932bp 片段, 结果如图 1 中泳道 5 所示, 该质粒命名为 pZAP-Tat, 含有序列表中序列 2 的融合蛋白 ZAP-Tat 的编码基因。

#### 6、ZAP、ZAP-linker、dTat 的表达质粒的构建

含有序列表中序列 4 (编码序列表中序列 3 的 ZAP-myc) 的 ZAP-myc 编码基因的质粒 pZAP-myc 的构建方法见文献: Guangxia Gao, Xuemin Guo, Stephen P. Goff1. (2002) Inhibition of Retroviral RNA Production by ZAP, a CCCH-Type Zinc Finger Protein. SCIENCE VOL 297, 1703-1706。

将质粒 pNZAPlinker 用 *AfI* II 和 *Not* I 双酶切, 凝胶电泳回收 5162bp 大片段作为载体, 质粒 pZAP-myc 也用 *AfI* II 和 *Not* I 双酶切, 回收 2701bp 的 ZAP 片段,

二者连接，转化大肠杆菌 TOP10，在含有 50 μg/ml 氨苄青霉素的 LB 固体培养基上培养 12 小时，挑取单克隆进行培养，提取质粒用 Nhe I 和 Not I 双酶切，得到 5931bp 的载体片段和 1932bp 的片段，结果如图 1 中泳道 7 所示。该质粒命名为 pZAPlinker，含有序列表中序列 8 的核苷酸序列，编码序列表中序列 7 的 ZAPlinker-myc。

将质粒 pZAP-Tat 用 Xho I 单酶切，回收 5651bp 的片段，用 Klenow (New England Biolab) 补平，自身连接，转化大肠杆菌 TOP10，在含有 50 μg/ml 氨苄青霉素的 LB 固体培养基上培养 12 小时，挑取单克隆进行培养，提取质粒，用 Xho I 和 Not I 双酶切验证，结果如图 1 中泳道 8 所示。对用 Xho I 和 EcoR I 双酶切为单一片段的质粒测序，结果表明该质粒含有该段 dTat-myc 序列，将该质粒命名为 pdTat，含有序列表中序列 12 的核苷酸序列，编码序列表中序列 11 的 dTat-myc。

### 7、ZAP、ZAP-linker、dTat、ZAP-Tat 的表达

将 pZAP-myc、pZAPlinker、pdTat、pZAP-Tat 分别用磷酸钙法转染入 293T 细胞（购自 ATCC），质粒用量为 5 μg/3.5cm 培养皿，8 小时后换液，用 PBS 缓冲液洗一次，加入新鲜培养基 (DMEM: FBS (胎牛血清) : PS (青霉素和链霉素) = 100: 10: 1 (体积比))，48 小时后收集细胞，裂解后进行 SDS-PAGE 电泳，然后将蛋白转到 PVDF 膜上，用 myc 抗体 (9E10) (购自 Sant Cruz) 进行 Western 免疫检测，检测到 ZAP、ZAP-linker、dTat、ZAP-Tat 的蛋白表达，结果如图 2 所示。

### 实施例 2、抗 HIV 功能检测

实施例 1 中，利用 Western 免疫杂交方法，首先证明了 ZAP、ZAP-linker、dTat、ZAP-Tat 在细胞内的表达，本实施例分析了上述蛋白对 HIV RNA 的抑制情况，方法如下：

将表达 ZAP、ZAPlinker、dTat、ZAP-Tat 的质粒与携带荧光素酶报告基因的 HIV 载体 pHr' -CMV-luc 共表达 (pHr' -CMV-luc 含有 HIV 的大部分骨架序列，包括 5' 和 3' LTR, 5' 剪切位点，包装信号，部分的 gag 基因编码序列，3' 剪切位点等，pHr' -CMV-luc 的构建方法见 David Dersé, Shawn A. Hill, Patricia A. Lloyd, Hye-kyung Chung, and Barry A. Morse. Examining Human T-Lymphotropic Virus Type 1 Infection and Replication by Cell-Free Infection with Recombinant Virus Vectors. J Virol. 2001 September; 75(18): 8461 - 8468)，分析上述蛋白对 HIV 载体表达的抑制情况。为了检测转染效率，使用了表达海肾 (Renilla) 荧光素酶的质粒 pRL-TK (购自 Promega) 作为转染效率的内参。pHr' -CMV-luc 和 pRL-TK 分别与下述四种质粒中的一种用磷酸钙法共转染 293A 细胞 (购自 ATCC)：pcDNA4/T0/myc-His B, pZAP-myc, pZAPlinker 和 pZAP-Tat。所用质粒的质量比为：

pcDNA4/T0/myc-His B 或 pZAP-myc 或 pZAP-linker 或 pZAP-Tat: pHr' -CMV-luc: pRL-TK = 100: 10: 1。先用胰蛋白酶消化以便收获生长到对数期的 293A 细胞，以  $5 \times 10^5$  个细胞 / 3.5cm 培养皿的数量重新种入 3.5cm 培养皿，加入新鲜 DMEM 培养基于 37°C、5% CO<sub>2</sub> 的培养箱中培养 16–24 小时。然后用质粒 pcDNA4/T0/myc-His B 或 pZAP 或 pZAP-linker 或 pZAP-Tat: 5μg, pHr' -CMV-luc: 0.5μg, pRL-TK: 0.05μg 的量，磷酸钙法分别转染细胞。转染后 8 小时，吸出培养皿中的培养基，用 PBS 缓冲液洗一次，重新加入新鲜培养基，培养 48 小时后，用 Promega 公司的 Dual-luciferase 试剂盒检测荧光素酶活性，分别得到萤火虫荧光素酶和海肾荧光素酶的荧光值。海肾荧光素酶的数值用来作为内参，表明转染效率的高低，萤火虫荧光素酶的数值作为报告参数，表明在某一转染效率下报告基因表达量的高低。萤火虫荧光素酶和海肾 (Renilla) 荧光素酶的荧光值比值是将每组数值做归一化处理，便于与某一标准值比较。以空质粒 pcDNA4/T0/myc-His B 共转染组的萤火虫荧光素酶和海肾荧光素酶的荧光值的比值作为对照，其它组的比值去除该值，所得比值即为抑制倍数，即：抑制倍数=空质粒共转染组比值/功能蛋白共转染组比值。结果如图 3 所示，表明 pZAP-Tat 表达的 ZAP-Tat 对 HIV 的抑制作用达到 16 倍以上，其它质粒表达的蛋白对 HIV 的抑制作用不足 4 倍。图 3 中，pcDNA4 表示 pcDNA4/T0/myc-His B 和 pHr' -CMV-luc 和 pRL-TK 共转染组；ZAP 表示 pZAP-myc 和 pHr' -CMV-luc 和 pRL-TK 共转染组；ZAPlinker 表示 pZAPlinker 和 pHr' -CMV-luc 和 pRL-TK 共转染组；ZAP-Tat 表示 pZAP-Tat 和 pHr' -CMV-luc 和 pRL-TK 共转染组。

---

## 序列表

<160> 14

<210> 1

<211> 904

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 1

Met Ala Asp Pro Gly Val Cys Cys Phe Ile Thr Lys Ile Leu Cys Ala  
5 10 15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu  
20 25 30

Pro Glu Ala Gln Leu Tyr Glu Leu Leu Glu Thr Ala Gly Pro Asp Arg  
35 40 45

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

Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg  
65 70 75 80

Pro Cys Asp Ser Leu His Leu Cys Lys Leu Asn Leu Leu Gly Arg Cys  
85 90 95

His Tyr Ala Gln Ser Gln Arg Asn Leu Cys Lys Tyr Ser His Asp Val  
100 105 110

Leu Ser Glu Gln Asn Phe Gln Ile Leu Lys Asn His Glu Leu Ser Gly  
115 120 125

Leu Asn Gln Glu Glu Leu Ala Cys Leu Leu Val Gln Ser Asp Pro Phe  
130 135 140

Phe Leu Pro Glu Ile Cys Lys Ser Tyr Lys Gly Glu Gly Arg Lys Gln  
145 150 155 160

Thr Cys Gly Gln Pro Gln Pro Cys Glu Arg Leu His Ile Cys Glu His  
165 170 175

Phe Thr Arg Gly Asn Cys Ser Tyr Leu Asn Cys Leu Arg Ser His Asn  
180 185 190

Leu Met Asp Arg Lys Val Leu Thr Ile Met Arg Glu His Gly Leu Ser  
195 200 205

Pro Asp Val Val Gln Asn Ile Gln Asp Ile Cys Asn Asn Lys His Ala  
210 215 220

Arg Arg Asn Pro Pro Gly Thr Arg Ala Ala His Pro His Arg Arg Gly  
 225                    230                    235                    240  
 Gly Ala His Arg Asp Arg Ser Lys Ser Arg Asp Arg Phe Leu His Asn  
 245                    250                    255  
 Ser Leu Glu Phe Leu Ser Pro Val Val Ser Pro Leu Gly Ser Gly Pro  
 260                    265                    270  
 Pro Ser Pro Asp Val Thr Ser Cys Lys Asp Ser Leu Glu Asp Val Ser  
 275                    280                    285  
 Val Asp Val Thr Gln Lys Phe Lys Tyr Leu Gly Thr His Asp Arg Ala  
 290                    295                    300  
 Gln Leu Ser Pro Val Ser Ser Lys Ala Ala Gly Val Gln Gly Pro Ser  
 305                    310                    315                    320  
 Gln Met Arg Ala Ser Gln Glu Phe Ser Glu Asp Gly Asn Leu Asp Asp  
 325                    330                    335  
 Ile Phe Ser Arg Asn Arg Ser Asp Ser Ser Ser Arg Ala Ser Ala  
 340                    345                    350  
 Ala Lys Val Ala Gln Arg Asn Glu Ala Val Ala Met Lys Met Gly Met  
 355                    360                    365  
 Glu Val Lys Gly Lys Lys Glu Ala Pro Asp Ile Asp Arg Val Pro Phe  
 370                    375                    380  
 Leu Asn Ser Tyr Ile Asp Gly Val Thr Met Glu Lys Ala Ser Val Ser  
 385                    390                    395                    400  
 Gly Ile Pro Gly Lys Lys Phe Thr Ala Asn Asp Leu Glu Asn Leu Leu  
 405                    410                    415  
 Leu Leu Asn Asp Thr Trp Lys Asn Val Ala Lys Pro Gln Asp Leu Gln  
 420                    425                    430  
 Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asp Ser Gly Gln Asp Lys Ala Phe Leu Gln  
 435                    440                    445  
 Asn Lys Tyr Gly Gly Asn Pro Val Trp Ala Ser Ala Ser Thr His Asn  
 450                    455                    460  
 Ala Pro Asn Gly Ser Ser Gln Ile Met Asp Glu Thr Pro Asn Val Ser  
 465                    470                    475                    480  
 Lys Ser Ser Thr Ser Gly Phe Ala Ile Lys Pro Ala Ile Ala Gly Gly  
 485                    490                    495  
 Lys Glu Ala Val Tyr Ser Gly Val Gln Ser Pro Arg Ser Gln Val Leu  
 500                    505                    510  
 Ala Val Pro Gly Glu Ala Thr Thr Pro Val Gln Ser Asn Arg Leu Pro  
 515                    520                    525  
 Gln Ser Pro Leu Ser Ser Ser His Arg Ala Ala Ala Ser Gly Ser  
 530                    535                    540

Pro Gly Lys Asn Ser Thr His Thr Ser Val Ser Pro Ala Ile Glu Ser  
 545                    550                    555                    560  
 Ser Arg Met Thr Ser Asp Pro Asp Glu Tyr Leu Leu Arg Tyr Ile Leu  
 565                    570                    575  
 Asn Pro Leu Phe Arg Met Asp Asn His Gly Pro Lys Glu Ile Cys Gln  
 580                    585                    590  
 Asp His Leu Tyr Lys Gly Cys Gln Gln Ser His Cys Asp Arg Ser His  
 595                    600                    605  
 Phe His Leu Pro Tyr Arg Trp Gln Met Phe Val Tyr Thr Thr Trp Arg  
 610                    615                    620  
 Asp Phe Gln Asp Met Glu Ser Ile Glu Gln Ala Tyr Cys Asp Pro His  
 625                    630                    635                    640  
 Val Glu Leu Ile Leu Ile Glu Asn His Gln Ile Asn Phe Gln Lys Met  
 645                    650                    655  
 Thr Cys Asp Ser Tyr Pro Ile Arg Arg Leu Ser Thr Pro Ser Tyr Glu  
 660                    665                    670  
 Glu Lys Pro Leu Ser Ala Val Phe Ala Thr Lys Trp Ile Trp Tyr Trp  
 675                    680                    685  
 Lys Asn Glu Phe Asn Glu Tyr Ile Gln Tyr Gly Asn Glu Ser Pro Gly  
 690                    695                    700  
 His Thr Ser Ser Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Leu Glu Ser Phe Phe Gln  
 705                    710                    715                    720  
 Ser Cys Pro Arg Gly Val Leu Pro Phe Gln Ala Gly Ser Gln Lys Tyr  
 725                    730                    735  
 Glu Leu Ser Phe Gln Gly Met Ile Gln Thr Asn Ile Ala Ser Lys Thr  
 740                    745                    750  
 Gln Arg His Val Val Arg Arg Pro Val Phe Val Ser Ser Asn Asp Val  
 755                    760                    765  
 Glu Gln Lys Arg Arg Gly Pro Glu Gly Gly Arg Ser Ser Gly Gly Gly  
 770                    775                    780  
 Ser Gly Gly Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Gly Gly  
 785                    790                    795                    800  
 Ser Gly Gly Asp Gly Arg Ala Ala Glu Pro Val Asp Pro Ser Leu  
 805                    810                    815  
 Glu Pro Trp Lys His Pro Gly Ser Gln Pro Arg Thr Ala Cys Asn Asn  
 820                    825                    830  
 Cys Tyr Cys Lys Lys Cys Cys Phe His Cys Tyr Ala Cys Phe Thr Arg  
 835                    840                    845  
 Lys Gly Leu Gly Ile Ser Tyr Gly Arg Lys Lys Arg Arg Gln Arg Arg  
 850                    855                    860

Arg Ala His Gln Asn Ser Gln Thr His Gln Ala Ser Leu Ser Lys Gln  
 865                    870                    875                    880  
 Pro Arg Phe Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Asn Met His  
 885                    890                    895  
 Thr Gly His His His His His  
 900

<210> 2

<211> 2712

<212> DNA

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 2

atggcagatc ccgggttatg ctgtttcatc accaagatcc tgtgcgccca cggggccgt	60
atgaccctgg aggaactgct gggtgagatc aggctccccg aggcgcagct ctacgagctg	120
ctggagacgg cggggcccgta tcgcttcgtg ctattggaga ctggaggccca ggccgggatc	180
actcggctcg tagtggctac tactcgagcc cgctgtgcc gtcggaagta ctgcccagaga	240
ccctgcgaca gcctgcacct ctgcaagctt aatctgtcg gccgggtccca ctatgcacag	300
tctcagcgga acctctgcaa atattctcac gatgttctct cggAACAGAA cttccagatc	360
ctgaagaatc atgagctctc tgggcttaac caagaggagc tagcttgccct cctggtccaa	420
agcgaccctt tttcctgcc cgagatatgc aagagtaca aaggagaggg ccgaaaacag	480
acctgtggc acccacagcc atgcgagaga ctcccacatct gtgagcactt caccggggc	540
aactgcagtt acctaactg ttcaggtct cacaacctga tggacagaaaa ggttttgcacc	600
atcatgaggg agcacgggct gaggctgtat gtggteccaga acatccagga catctgcaac	660
aacaaacacg ccaggaggaa cccgcctggc acgagatcg cccatccaca ccgcagaggc	720
ggcgcacaca gagacagaag caaaagcaga gaccgttcc ttcacaacag tctagaattt	780
ctctcacctg ttgtctcacc tctggatct ggtccgccta gcccagatgt caccagctgt	840
aaagattccc tggaggatgt gtctgtggat gtcaccaga agtcaagta cttggggacg	900
catgaccgtc cgccagcttc cccagtcata tctaaggctg ctgggttca aggacccagt	960
caaattgagag caagccaaga gtttcagag gatggaaatc tagatgacat attttctagg	1020
aatcggtctg attcatcatc aagtgcgagcc tccgctgcata aggtggcaca aagaaatgaa	1080
gctgtggcca tggaaatggg catggaggc aaggcaaga aggaggctcc agacatcgat	1140
cgggtcccat tttaaatatgat ggggtgacca tggaaaaagc atcggctca	1200
ggaattccag gcaaaaatgtt cacagccat gatctggaaa atttgcattt acttaacgac	1260
acttggaaaga atgtggctaa gccccaggat ctgcagatc cagggcataat cactgacagt	1320
ggccaaagaca aggcattcct gcagaataaa tatggaggaa acccagtgtg ggcaagtgc	1380
tccacccata atgccccaaa tggctctgtt caaattatgg atgaaactcc taatgtctct	1440
aaaagttagta ccagtggttt tgccataaaa ccagcaatg ctggaggaaa agaaggcgtc	1500
tattctggag ttcaagatcc gagaagccag gtcctagctg tgcctgggaa ggctactacc	1560

---

cctgtacaga gcaacaggct gcctcagtgc cctctgtctt cctcaagcca cagagctgca	1620
gcctctggga gccctggcaa gaactccacc catacctctg tgagcccagc catcgagtct	1680
tcaaggatga catcagaccc cgatgagtat ctccctacgct acatcctaaa tcctttattt	1740
aggatggata atcatggccc gaaggaaatc tgtcaggacc atctgtacaa gggcigtcaa	1800
cagagccact gcgcacaggag tcacttccat ctgccttacc ggtggcagat gttcgatata	1860
accacttggaa gggacttcca ggacatggag tctatcgaac aggccatttg tgatccccac	1920
gttgaactca tttttagata aaaccatcag atcaatttcc agaaaatgac ctgtgactcc	1980
taccccaitcc gacgcctctc cactccctca tatgaggaaa agccacttag tgctgtcttc	2040
gccaccaagt ggatttggta ttggaagaat gaatttaatg aatatatcca gtatggaaat	2100
gagagcccaag gccacaccag ctctgacatc aactctgcgt acctggagtc tttcttccag	2160
tcttgccttcc gggagttttt gccattccag gctgggtcac agaagtacga gttaaaccttc	2220
caagggatga ttcagacaaa tatagttcc aagactcaa ggcatgttgt cagaaggcca	2280
gtattttttt cticgaacga tgtggagcag aagagaagag gtccagaggg cggccgcctcg	2340
agtgggtggag gctctggggg aggtacagga ggtggctcag gtggggcac tggggaggc	2400
agtggaggtg gcgatggccg cgctgctgag ccagtagatc ctatctaga gcccgttggaa	2460
catccaggaa gtcagccctag gactgctgt aacaatttgc attgtaaaaa gtgttgcctt	2520
cattgctacg cgttttccac aagaaaaggc ttaggcacatc cctatggcag gaagaagcgg	2580
agacagcgcac gaagagactca tcagaacagt cagactcatc aagtttctct atcaaagcag	2640
ccgcgggtcg aacaaaaact catctcagaa gaggatctga atatgcatac cggtcatcat	2700
caccatcacc at	2712

<210> 3

<211> 808

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 3

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

5 10 15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu

20 25 30

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

35 40 45

Phe Val Leu Leu Glu Thr Gly Gly Gln Ala Gly Ile Thr Arg Ser Val

50 55 60

Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg

65 70 75 80

Pro Cys Asp Ser Leu His Leu Cys Lys Leu Asn Leu Leu Gly Arg Cys

85 90 95

His Tyr Ala Gln Ser Gln Arg Asn Leu Cys Lys Tyr Ser His Asp Val  
 100 105 110  
 Leu Ser Glu Gln Asn Phe Gln Ile Leu Lys Asn His Glu Leu Ser Gly  
 115 120 125  
 Leu Asn Gln Glu Glu Leu Ala Cys Leu Leu Val Gln Ser Asp Pro Phe  
 130 135 140  
 Phe Leu Pro Glu Ile Cys Lys Ser Tyr Lys Gly Glu Gly Arg Lys Gln  
 145 150 155 160  
 Thr Cys Gly Gln Pro Gln Pro Cys Glu Arg Leu His Ile Cys Glu His  
 165 170 175  
 Phe Thr Arg Gly Asn Cys Ser Tyr Leu Asn Cys Leu Arg Ser His Asn  
 180 185 190  
 Leu Met Asp Arg Lys Val Leu Thr Ile Met Arg Glu His Gly Leu Ser  
 195 200 205  
 Pro Asp Val Val Gln Asn Ile Gln Asp Ile Cys Asn Asn Lys His Ala  
 210 215 220  
 Arg Arg Asn Pro Pro Gly Thr Arg Ala Ala His Pro His Arg Arg Gly  
 225 230 235 240  
 Gly Ala His Arg Asp Arg Ser Lys Ser Arg Asp Arg Phe Leu His Asn  
 245 250 255  
 Ser Leu Glu Phe Leu Ser Pro Val Val Ser Pro Leu Gly Ser Gly Pro  
 260 265 270  
  
 Pro Ser Pro Asp Val Thr Ser Cys Lys Asp Ser Leu Glu Asp Val Ser  
 275 280 285  
 Val Asp Val Thr Gln Lys Phe Lys Tyr Leu Gly Thr His Asp Arg Ala  
 290 295 300  
 Gln Leu Ser Pro Val Ser Ser Lys Ala Ala Gly Val Gln Gly Pro Ser  
 305 310 315 320  
 Gln Met Arg Ala Ser Gln Glu Phe Ser Glu Asp Gly Asn Leu Asp Asp  
 325 330 335  
 Ile Phe Ser Arg Asn Arg Ser Asp Ser Ser Ser Arg Ala Ser Ala  
 340 345 350  
 Ala Lys Val Ala Gln Arg Asn Glu Ala Val Ala Met Lys Met Gly Met  
 355 360 365  
 Glu Val Lys Gly Lys Lys Glu Ala Pro Asp Ile Asp Arg Val Pro Phe  
 370 375 380  
 Leu Asn Ser Tyr Ile Asp Gly Val Thr Met Glu Lys Ala Ser Val Ser  
 385 390 395 400  
 Gly Ile Pro Gly Lys Lys Phe Thr Ala Asn Asp Leu Glu Asn Leu Leu

405                    410                    415  
 Leu Leu Asn Asp Thr Trp Lys Asn Val Ala Lys Pro Gln Asp Leu Gln  
 420                    425                    430  
 Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asp Ser Gly Gln Asp Lys Ala Phe Leu Gln  
 435                    440                    445  
 Asn Lys Tyr Gly Gly Asn Pro Val Trp Ala Ser Ala Ser Thr His Asn  
 450                    455                    460  
 Ala Pro Asn Gly Ser Ser Gln Ile Met Asp Glu Thr Pro Asn Val Ser  
 465                    470                    475                    480  
 Lys Ser Ser Thr Ser Gly Phe Ala Ile Lys Pro Ala Ile Ala Gly Gly  
 485                    490                    495  
 Lys Glu Ala Val Tyr Ser Gly Val Gln Ser Pro Arg Ser Gln Val Leu  
 500                    505                    510  
 Ala Val Pro Gly Glu Ala Thr Thr Pro Val Gln Ser Asn Arg Leu Pro  
 515                    520                    525  
 Gln Ser Pro Leu Ser Ser Ser His Arg Ala Ala Ala Ser Gly Ser  
 530                    535                    540  
 Pro Gly Lys Asn Ser Thr His Thr Ser Val Ser Pro Ala Ile Glu Ser  
 545                    550                    555                    560  
 Ser Arg Met Thr Ser Asp Pro Asp Glu Tyr Leu Leu Arg Tyr Ile Leu  
 565                    570                    575  
 Asn Pro Leu Phe Arg Met Asp Asn His Gly Pro Lys Glu Ile Cys Gln  
 580                    585                    590  
 Asp His Leu Tyr Lys Gly Cys Gln Gln Ser His Cys Asp Arg Ser His  
 595                    600                    605  
 Phe His Leu Pro Tyr Arg Trp Gln Met Phe Val Tyr Thr Thr Trp Arg  
 610                    615                    620  
 Asp Phe Gln Asp Met Glu Ser Ile Glu Gln Ala Tyr Cys Asp Pro His  
 625                    630                    635                    640  
 Val Glu Leu Ile Leu Ile Glu Asn His Gln Ile Asn Phe Gln Lys Met  
 645                    650                    655  
 Thr Cys Asp Ser Tyr Pro Ile Arg Arg Leu Ser Thr Pro Ser Tyr Glu  
 660                    665                    670  
 Glu Lys Pro Leu Ser Ala Val Phe Ala Thr Lys Trp Ile Trp Tyr Trp  
 675                    680                    685  
 Lys Asn Glu Phe Asn Glu Tyr Ile Gln Tyr Gly Asn Glu Ser Pro Gly  
 690                    695                    700  
 His Thr Ser Ser Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Leu Glu Ser Phe Phe Gln  
 705                    710                    715                    720  
 Ser Cys Pro Arg Gly Val Leu Pro Phe Gln Ala Gly Ser Gln Lys Tyr

725	730	735
Glu Leu Ser Phe Gln Gly Met Ile Gln Thr Asn Ile Ala Ser Lys Thr		
740	745	750
Gln Arg His Val Val Arg Arg Pro Val Phe Val Ser Ser Asn Asp Val		
755	760	765
Glu Gln Lys Arg Arg Gly Pro Glu Gly Gly Arg Ser Ser Leu Glu Gly		
770	775	780
Pro Arg Phe Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Asn Met His		
785	790	795
Thr Gly His His His His His His		
805		

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 2424

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 4

atggcagata ccgggttatg ctgtttcatc accaagatcc tgtgcgccca cggggccgt	60
atgaccctgg aggaactgtt gggtagatc aggctccccg aggccgacgt ctacgagctg	120
ctggagacgg cggggcccgta tcgcgtcgta ctattggaga ctggaggcca ggccggatc	180
actcggcttg tagtggctac tactcgagcc cgctctgcc gtcggaaatgt ctggcagaga	240
ccctgcgaca gcctgcaccc ctgcaagctt aatctgtcg gcccgtgcc ctatgcacag	300
tctcagcgaa acctctgcaa atattctcac gatgttctct cggaaacagaa cttccagatc	360
ctgaagaatc atgagctctc tgggcttaac caagaggagc tagcttgctt cctggtccaa	420
agcgaccctt tticctgcc cgagatatgc aagagttaca aaggagaggg ccgaaaacag	480
acctgtggc agccacagcc atgcgagaga ctccacatct gtgagactt cacccgggc	540
aactgcagtt acctcaactg tctcaggctt cacaacctga tggacagaaaa ggttgttacc	600
atcatgaggg agcacgggct gagtctgtat gtggccaga acatccagga catctgcaac	660
aacaaacacg ccaggaggaa cccgcctggc acgagagctg cccatccaca ccgcagaggc	720
ggcgcacaca gagacagaag caaaagcaga gaccgcttcc ttcacaacag tctagaattt	780
ctctcacctg ttgtctacc tctggatct ggtccgccta gcccagatgt caccagctgt	840
aaagattccc tggaggatgt gtctgtggat gtccacccaga agttcaagta ctggggacg	900
catgaccgtg cgccagcttc cccagtcata tctaaggctg ctgggttca aggacccagt	960
caaatgagag caagccaaaga gttttcagag gatggaaatc tagatgacat atttctagg	1020
aatcggtctg attcatcatc aagtgcgagcc tccgctgccca aggtggcaca aagaaatgaa	1080
gctgtggccca tgaaaatggg catggaggctc aaggcagaaga aggaggctcc agacatcgat	1140
cgggtcccat tttaaatag ttatattgtat ggggtgacca tggaaaagc atcggtctca	1200

---

ggaattccag gcaaaaagtt cacagccaat gatctggaaa atttgctatt acttaacgac	1260
acttggaaaga atgtggctaa gcccccaggat ctgcagacca caggcagaat cactgacagt	1320
ggccaagaca aggcattcct gcagaataaa tatggaggaa acccagtgtg ggcaagtgca	1380
tccacccata atgccccaaa tggctctagt caaattatgg atgaaactcc taatgtctct	1440
aaaagtagta ccagtggttt tgccataaaaa ccagcaattt ctggaggaaa agaaggcagtc	1500
tattctggag ttcatagtc gagaagccag gtcctagctg tgccctggga ggctactacc	1560
cctgtacaga gcaacaggct geectcagtcg cctctgtctt cctcaagcca cagagctgca	1620
gcctctggga gcccctggcaa gaactccacc catacctctg tgagcccagc catcgagct	1680
tcaaggatga catcagaccc cgatgagttt ctccctacgct acatcctaaa tccttttattt	1740
agatggata atcatggccc gaaggaaatc tgtcaggacc atctgtacaa gggctgtcaa	1800
cagagccact gcgcacaggag tcacttccat ctgccctacc ggtggcagat gttcgttat	1860
accacttggaa gggacttcca ggacatggag tctatcgaac aggccatttt tgatccccac	1920
gttgaactca ttttgataga aaaccatcag atcaatttcc agaaaatgac ctgtgactcc	1980
taccccatcc gacgcctctc cactccctca tatgaggaaa agccacttag tgctgtctc	2040
gccaccaagt ggatttgta ttgaaagaat gaatttaatg aatatatcca gtatggaaat	2100
gagagccag gccacaccag ctctgacatc aactctgcgt acctggagtc tttttccag	2160
tcttgcctca ggggagttt gccattccag gctggttcac agaagtacga gttaaagttc	2220
caagggatga ttcatgacaaa tatacgccaa aagactcaaa ggcattttgt cagaaggcca	2280
gtatggattt cttcgAACGA tgtggagcag aagagaagag gtccagaggg cggccgctcg	2340
agtcttagagg gcccgggtt cgaacaaaaa ctcatctcag aagaggatct gaatatgcat	2400
accggtcata atcaccatca ccat	2424

<210> 5

<211> 311

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 5

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

1 5 10 15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu

20 25 30

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

35 40 45

Phe Val Leu Leu Glu Thr Gly Gly Gln Ala Gly Ile Thr Arg Ser Val

50 55 60

Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg

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

&lt;210&gt; 6

&lt;211&gt; 933

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 6

atggcagatc ccgggttatg ctgttcatc accaagatcc tgtgcgccca cggggccgt	60
atgaccctgg aggaactgct gggtagatc aggctccccg aggccgacgt ctacgagctg	120
ctggagacgg cggggcccga tcgcttcgtg ctattggaga ctggaggcca ggccgggatc	180
actcggtctg tagtggtcac tactcgagcc cgctctgcc gtcgaaagta ctgccagaga	240
ccctgcgaca gcctgcacct ctgaagctt aatctgctcg gccgggtccca ctatgcacag	300
tctcagcggaa acctctgcaa atattctcac gatgttctct cggAACAGAA cttcagatc	360
ctgaagaatc atgagctctc tggcttaac caagaggagc tagcttgcct cctggtccaa	420
agcgaccctt tttcctgccc cgagatatgc aagagttaca aaggagaggg ccgaaaacag	480
acctgtggc agecacagcc atgcgagaga ctccacatct gtgagcactt cacccgggc	540
aactgcagtt acctaactg tctcaggatct cacaacctga tggacagaaaa ggttgtgacc	600
atcatgaggagc acacgggct gagtcctgat gtggccaga acatccagga catctgcaac	660
aacaaacacg ccaggaggaa cccgcctggc acgagagctg cccatccaca ccgcagaggc	720
ggcgcacaca gagacagaag caaaagcaga gaccgttcct gcggccgctc gagtggtgga	780
ggctctgggg gaggtacagg aggtggctca ggtggggca ctggtgagg cagtggaggt	840
ggcgatatcg gcgccaaggg cccgcgttc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg	900
aatatgcata ccggcatca tcaccatcac cat	933

&lt;210&gt; 7

&lt;211&gt; 834

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 7

Met Ala Asp Pro Gly Val Cys Cys Phe Ile Thr Lys Ile Leu Cys Ala			
1	5	10	15
His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu			
20	25	30	
Pro Glu Ala Gln Leu Tyr Glu Leu Leu Glu Thr Ala Gly Pro Asp Arg			
35	40	45	
Phe Val Leu Leu Glu Thr Gly Gln Ala Gly Ile Thr Arg Ser Val			
50	55	60	
Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg			
65	70	75	80
Pro Cys Asp Ser Leu His Leu Cys Lys Leu Asn Leu Leu Gly Arg Cys			
85	90	95	
His Tyr Ala Gln Ser Gln Arg Asn Leu Cys Lys Tyr Ser His Asp Val			
100	105	110	

Leu Ser Glu Gln Asn Phe Gln Ile Leu Lys Asn His Glu Leu Ser Gly  
     115                     120                     125  
 Leu Asn Gln Glu Glu Leu Ala Cys Leu Leu Val Gln Ser Asp Pro Phe  
     130                     135                     140  
 Phe Leu Pro Glu Ile Cys Lys Ser Tyr Lys Gly Glu Gly Arg Lys Gln  
     145                     150                     155                     160  
 Thr Cys Gly Gln Pro Gln Pro Cys Glu Arg Leu His Ile Cys Glu His  
     165                     170                     175  
 Phe Thr Arg Gly Asn Cys Ser Tyr Leu Asn Cys Leu Arg Ser His Asn  
     180                     185                     190  
  
 Leu Met Asp Arg Lys Val Leu Thr Ile Met Arg Glu His Gly Leu Ser  
     195                     200                     205  
 Pro Asp Val Val Gln Asn Ile Gln Asp Ile Cys Asn Asn Lys His Ala  
     210                     215                     220  
 Arg Arg Asn Pro Pro Gly Thr Arg Ala Ala His Pro His Arg Arg Gly  
     225                     230                     235                     240  
 Gly Ala His Arg Asp Arg Ser Lys Ser Arg Asp Arg Phe Leu His Asn  
     245                     250                     255  
 Ser Leu Glu Phe Leu Ser Pro Val Val Ser Pro Leu Gly Ser Gly Pro  
     260                     265                     270  
 Pro Ser Pro Asp Val Thr Ser Cys Lys Asp Ser Leu Glu Asp Val Ser  
     275                     280                     285  
 Val Asp Val Thr Gln Lys Phe Lys Tyr Leu Gly Thr His Asp Arg Ala  
     290                     295                     300  
 Gln Leu Ser Pro Val Ser Ser Lys Ala Ala Gly Val Gln Gly Pro Ser  
     305                     310                     315                     320  
 Gln Met Arg Ala Ser Gln Glu Phe Ser Glu Asp Gly Asn Leu Asp Asp  
     325                     330                     335  
 Ile Phe Ser Arg Asn Arg Ser Asp Ser Ser Ser Arg Ala Ser Ala  
     340                     345                     350  
 Ala Lys Val Ala Gln Arg Asn Glu Ala Val Ala Met Lys Met Gly Met  
     355                     360                     365  
 Glu Val Lys Gly Lys Lys Glu Ala Pro Asp Ile Asp Arg Val Pro Phe  
     370                     375                     380  
 Leu Asn Ser Tyr Ile Asp Gly Val Thr Met Glu Lys Ala Ser Val Ser  
     385                     390                     395                     400  
 Gly Ile Pro Gly Lys Lys Phe Thr Ala Asn Asp Leu Glu Asn Leu Leu  
     405                     410                     415  
 Leu Leu Asn Asp Thr Trp Lys Asn Val Ala Lys Pro Gln Asp Leu Gln

420                    425                    430  
 Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asp Ser Gly Gln Asp Lys Ala Phe Leu Gln  
 435                    440                    445  
 Asn Lys Tyr Gly Gly Asn Pro Val Trp Ala Ser Ala Ser Thr His Asn  
 450                    455                    460  
 Ala Pro Asn Gly Ser Ser Gln Ile Met Asp Glu Thr Pro Asn Val Ser  
 465                    470                    475                    480  
 Lys Ser Ser Thr Ser Gly Phe Ala Ile Lys Pro Ala Ile Ala Gly Gly  
 485                    490                    495  
 Lys Glu Ala Val Tyr Ser Gly Val Gln Ser Pro Arg Ser Gln Val Leu  
 500                    505                    510  
 Ala Val Pro Gly Glu Ala Thr Thr Pro Val Gln Ser Asn Arg Leu Pro  
 515                    520                    525  
 Gln Ser Pro Leu Ser Ser Ser His Arg Ala Ala Ala Ser Gly Ser  
 530                    535                    540  
 Pro Gly Lys Asn Ser Thr His Thr Ser Val Ser Pro Ala Ile Glu Ser  
 545                    550                    555                    560  
 Ser Arg Met Thr Ser Asp Pro Asp Glu Tyr Leu Leu Arg Tyr Ile Leu  
 565                    570                    575  
 Asn Pro Leu Phe Arg Met Asp Asn His Gly Pro Lys Glu Ile Cys Gln  
 580                    585                    590  
 Asp His Leu Tyr Lys Gly Cys Gln Gln Ser His Cys Asp Arg Ser His  
 595                    600                    605  
 Phe His Leu Pro Tyr Arg Trp Gln Met Phe Val Tyr Thr Trp Arg  
 610                    615                    620  
 Asp Phe Gln Asp Met Glu Ser Ile Glu Gln Ala Tyr Cys Asp Pro His  
 625                    630                    635                    640  
 Val Glu Leu Ile Leu Ile Glu Asn His Gln Ile Asn Phe Gln Lys Met  
 645                    650                    655  
 Thr Cys Asp Ser Tyr Pro Ile Arg Arg Leu Ser Thr Pro Ser Tyr Glu  
 660                    665                    670  
 Glu Lys Pro Leu Ser Ala Val Phe Ala Thr Lys Trp Ile Trp Tyr Trp  
 675                    680                    685  
 Lys Asn Glu Phe Asn Glu Tyr Ile Gln Tyr Gly Asn Glu Ser Pro Gly  
 690                    695                    700  
 His Thr Ser Ser Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Leu Glu Ser Phe Phe Gln  
 705                    710                    715                    720  
 Ser Cys Pro Arg Gly Val Leu Pro Phe Gln Ala Gly Ser Gln Lys Tyr  
 725                    730                    735  
 Glu Leu Ser Phe Gln Gly Met Ile Gln Thr Asn Ile Ala Ser Lys Thr

740                    745                    750  
 Gln Arg His Val Val Arg Arg Pro Val Phe Val Ser Ser Asn Asp Val  
 755                    760                    765  
 Glu Gln Lys Arg Arg Gly Pro Glu Gly Gly Arg Ser Ser Gly Gly  
 770                    775                    780  
 Ser Gly Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly  
 785                    790                    795                    800  
 Ser Gly Gly Gly Asp Ile Gly Ala Lys Gly Pro Arg Phe Glu Gln Lys  
 805                    810                    815  
 Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Asn Met His Thr Gly His His His  
 820                    825                    830  
 His His

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 2502

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 8

atggcagatc	ccgggtatg	ctgtttcatc	accaagatcc	tgtgcgccca	cggggccgt	60
atgaccctgg	aggaactgct	gggtgagatc	aggctccccg	aggcgagct	ctacgagctg	120
ctggagacgg	cggggcccga	tcgcttcgtg	ctattggaga	ctggaggcca	ggccgggatc	180
actcggctcg	tagtggctac	tactcgagcc	cgcgtctgcc	gtcggaaagta	ctgccagaga	240
ccctgcgaca	gcctgcacct	ctgcaagctt	aatctgctcg	gccggtgcca	ctatgcacag	300
tctcagcgga	acctctgcaa	atattctcac	gatgttctct	cggAACAGAA	cttccagatc	360
ctgaagaatc	atgagctctc	tggcctaAC	caagaggAGC	tagcttgcct	cctggtccaa	420
agcgaccctt	tttcctgcc	cgagatatgc	aagAGTTACA	aaggAGGAGGG	ccgAAAACAG	480
acctgtggc	agccacAGGC	atgcgagaga	ctccacatct	gtgagcactt	cacCCGGGc	540
aactgcagtt	acctcaactg	tctcaggTCT	cacaacctga	tggACAGAAA	ggtgttgacc	600
atcatgaggg	agcacGGGCT	gagtccTGT	gtggTCCAGA	acatccAGGA	catctgcAAC	660
aacAAACACG	ccaggAGGAA	cccgcCTGGC	acgAGAGCTG	cccACCCACA	ccgcAGAGGC	720
ggcgcacaca	gagACAGAA	caAAAGCAGA	gaccgCTTCC	ttcacaACAG	tctAGAAATT	780
ctctcacctg	ttgtctcacc	tctggatct	ggtccgccta	gccCAGATG	caccAGCTG	840
aaagattccc	tggaggatgt	gtctgtggat	gtcACCCAGA	agttcaAGTA	cttggggACG	900
catgaccgtg	cgcAGCTCTC	cccAGTCTCA	tctaAGGCTG	ctggTGTTC	aggACCCAGT	960
caaatgagAG	caAGCCAAGA	gtttcAGAG	gatGGGAATC	tagatGACAT	atTTCTAGG	1020
aatcgTTCTG	attcatcATC	aagtCGAGCC	tccgCTGCCA	aggTGGCACA	aAGAAATGAA	1080
gctgtggcca	tgAAAATGGG	catggAGGTC	aaggGCAAGA	aggAGGCTCC	agacATCGAT	1140

---

cgggtcccat	ttttaaatag	ttataitgtat	ggggtgacca	tggaaaagc	atcggtctca	1200
gaaattccag	gcaaaaagtt	cacagccaaat	gatctggaaa	atttgttattt	acttaacgac	1260
acttggaga	atgtggctaa	gcccccaggat	ctgcagacca	caggcagaat	cactgacagt	1320
ggccaagaca	aggcattcct	gcagaataaa	tatggaggaa	acccagtgtg	ggcaagtgc	1380
tccaccata	atgccccaaa	tggctctgt	caaattatgg	atgaaactcc	taatgtctct	1440
aaaagttagt	ccagtggttt	tgccataaaa	ccagcaattt	ctggaggaaa	agaagcagtc	1500
tattctggag	ttcagagtc	gagaagccag	gtcctagctg	tgcctgggaa	ggctactacc	1560
cctgtacaga	gcaacaggct	gcctcagtc	cctctgtctt	cctcaagcc	cagagctgc	1620
gcctctggga	gccttggcaa	gaactccacc	catacctctg	tgagcccagc	catcgagtct	1680
tcaaggatga	catcagaccc	cgatgagtt	ctcctacgct	acatcctaaa	tcctttat	1740
aggatggata	atcatggccc	gaaggaaatc	tgtcaggacc	atctgtacaa	gggctgtcaa	1800
cagagccact	gcgacaggag	tcacttccat	ctgccttacc	ggtggcagat	gttcgttat	1860
accacttgga	gggacttcca	ggacatggag	tctatcgaa	aggcctattt	tgatccccac	1920
gttgaactca	ttttgataga	aaaccatcg	atcaatttcc	agaaaaatgc	ctgtgactcc	1980
tacccatcc	gacgcctctc	cactccctca	tatggggaaa	agccacttag	tgctgtcttc	2040
gccaccaagt	ggattggta	ttggaagaat	gaatthaatg	aatatatcca	gtatggaaat	2100
gagagccag	gcccacccag	ctctgacate	aactctgcgt	acctggagtc	tttcttccag	2160
tcttgtccca	ggggagtttt	gccattccag	gctggttcac	agaagtacga	gttaagcttc	2220
caagggatga	ttcagacaaa	tatagcttcc	aagactcaaa	ggcatgttgt	cagaaggcca	2280
gttattgttt	cttgcAACGA	tgtggagcag	aagagaagag	gtccagaggg	cggccgcctcg	2340
agtgggtggag	gctctgggggg	aggtacagga	ggtggctcag	gtggggcac	tggtggaggc	2400
agtggaggtg	gcgatatcgg	cggcaaggcc	ccgcgggtcg	aacaaaaact	catctcagaa	2460
gaggatctga	atatgcatac	cggtcatcat	caccatcacc	at		2502

<210> 9

<211> 381

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 9

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

1 5 10 15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu

20 25 30

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

35                          40                          45  
 Phe Val Leu Leu Glu Thr Gly Gly Gln Ala Gly Ile Thr Arg Ser Val  
 50                          55                          60  
 Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg  
 65                          70                          75                          80  
 Pro Cys Asp Ser Leu His Leu Cys Lys Leu Asn Leu Leu Gly Arg Cys  
 85                          90                          95  
 His Tyr Ala Gln Ser Gln Arg Asn Leu Cys Lys Tyr Ser His Asp Val  
 100                        105                        110  
 Leu Ser Glu Gln Asn Phe Gln Ile Leu Lys Asn His Glu Leu Ser Gly  
 115                        120                        125  
 Leu Asn Gln Glu Glu Leu Ala Cys Leu Leu Val Gln Ser Asp Pro Phe  
 130                        135                        140  
 Phe Leu Pro Glu Ile Cys Lys Ser Tyr Lys Gly Glu Gly Arg Lys Gln  
 145                        150                        155                        160  
 Thr Cys Gly Gln Pro Gln Pro Cys Glu Arg Leu His Ile Cys Glu His  
 165                        170                        175  
 Phe Thr Arg Gly Asn Cys Ser Tyr Leu Asn Cys Leu Arg Ser His Asn  
 180                        185                        190  
 Leu Met Asp Arg Lys Val Leu Thr Ile Met Arg Glu His Gly Leu Ser  
 195                        200                        205  
 Pro Asp Val Val Gln Asn Ile Gln Asp Ile Cys Asn Asn Lys His Ala  
 210                        215                        220  
 Arg Arg Asn Pro Pro Gly Thr Arg Ala Ala His Pro His Arg Arg Gly  
 225                        230                        235                        240  
 Gly Ala His Arg Asp Arg Ser Lys Ser Arg Asp Arg Ser Cys Gly Arg  
 245                        250                        255  
 Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
 260                        265                        270  
 Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Asp Gly Arg Ala Ala Glu Pro  
 275                        280                        285  
 Val Asp Pro Ser Leu Glu Pro Trp Lys His Pro Gly Ser Gln Pro Arg  
 290                        295                        300  
 Thr Ala Cys Asn Asn Cys Tyr Cys Lys Lys Cys Cys Phe His Cys Tyr  
 305                        310                        315                        320  
 Ala Cys Phe Thr Arg Lys Gly Leu Gly Ile Ser Tyr Gly Arg Lys Lys  
 325                        330                        335  
 Arg Arg Gln Arg Arg Ala Pro Gln Asp Ser Gln Thr His Gln Ala  
 340                        345                        350  
 Ser Leu Ser Lys Gln Pro Arg Phe Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

355                    360                    365

Asp Leu Asn Met His Thr Gly His His His His His His

370                    375                    380

<210> 10

<211> 1143

<212> DNA

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 10

atggcagatc ccggggtatg ctgtttcatc accaagatcc tgtgcgccca cggggggccgt	60
atgaccctgg aggaactgct gggtagatc aggctccccg aggcgcagct ctacgagctg	120
ctggagacgg cggggcccga tcgcttcgtg ctattggaga ctggaggcca ggccgggatc	180
actcggtctg tagtggctac tactcgagcc cgctgtctgcc gtcggaagta ctgccagaga	240
ccctgcgaca gcctgcacct ctgcaagctt aatctgctcg gccgggtccca ctatgcacag	300
tctcagcggaa acctctgcaa atattctcac gatgttctct cggAACAGAA ctccagatc	360
ctgaagaatc atgagctctc tgggcttaac caagaggagc tagcttgccct cctggtccaa	420
agcgacccctt tttcttgcc cgagatatgc aagagttaca aaggagaggc ccgaaaacag	480
acctgtggc agccacagcc atgcgagaga ctccacatct gtgagcactt cacccgggc	540
aactcgagtt acctcaactg tctcaggatct cacaacctga tggacagaaaa ggtgttgacc	600
atcatgaggg agcacggcgt gagtccgtat gtggccaga acatccagga catctgcaac	660
aacaaacacg ccaggaggaa cccgcgtggc acgagagctg cccatccaca ccgcagaggc	720
ggcgcacaca gagacagaag caaaagcaga gaccgttcct gcggccgctc gagtgggtgaa	780
ggctctgggg gaggtacagg aggtggctca ggtggggca ctgggtggagg cagtggaggt	840
ggcgatggcc gcgcgtgtga gccagtagat cctagtctag agccctggaa gcatccagga	900
agtcaagctta ggactgcttg taacaattgc tattgtaaaa agtgttgc tt tattgctac	960
gcgttta caagaaaagg cttaggatc tcctatggca ggaagaagcg gagacagcga	1020
cgaagagctc ctcaggacag tcagactcat caagcttctc tatcaaagca gccgcgggttc	1080
gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg aatatgcata ccggatcatca tcaccatcac	1140
cat	1143

<210> 11

<211> 194

<212> PRT

<213> 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 11

Met Ala Asp Pro Gly Val Cys Cys Phe Ile Thr Lys Ile Leu Cys Ala  
 1                   5                   10                   15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu  
 20                   25                   30

Pro Glu Ala Gln Leu Tyr Glu Leu Leu Glu Thr Ala Gly Pro Asp Arg  
 35                   40                   45

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

Val Ala Thr Thr Arg Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly  
 65                   70                   75                   80

Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Asp Gly  
 85                   90                   95

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

Gly Ser Gln Pro Arg Thr Ala Cys Asn Asn Cys Tyr Cys Lys Lys Cys  
 115                120                125

Cys Phe His Cys Tyr Ala Cys Phe Thr Arg Lys Gly Leu Gly Ile Ser  
 130                135                140

Tyr Gly Arg Lys Lys Arg Arg Gln Arg Arg Arg Ala Pro Gln Asp Ser  
 145                150                155                160

Gln Thr His Gln Ala Ser Leu Ser Lys Gln Pro Arg Phe Glu Gln Lys  
 165                170                175

Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Asn Met His Thr Gly His His His His  
 180                185                190

His His

&lt;210&gt; 12

&lt;211&gt; 582

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 12

atggcagatc ccgggtatg ctgtttcatc accaagatcc tgtgcgccta cggggccgt      60

---

atgaccctgg aggaactgct gggtagatc aggctccccg aggccgcact ctacgagctg 120  
 ctggagacgg cggggcccgta tcgcttcgtg ctattggaga ctggaggcca ggccgggatc 180  
 actcggtctg tagtggctac tactcgatcg agtggtgag gctctgggg aggtacagga 240  
 ggtggctcag gtggggcac tggtagggc acgtggaggta gcgtatggccg cgctgctgag 300  
 ccagtagatc ctatgttaga gccctgaaag catccaggaa gtcagcctag gactgcttgt 360  
 aacaattgtt attgtaaaaa gtgttgcattt cattgtacg cgtgtttcac aagaaaaggc 420  
 ttaggcacat cctatggcag gaagaagcgg agacagcgcac gaagagctcc tcaggacagt 480  
 cagactcata aagcttctt atcaaagcag ccgcggttcg aacaaaaact catctcagaa 540  
 gaggatctga atatgcatac cggcatcat caccatcacc at 582

<210> 13

<211> 285

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223>

<400> 13

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

1 5 10 15

His Gly Gly Arg Met Thr Leu Glu Glu Leu Leu Gly Glu Ile Arg Leu

20 25 30

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

35 40 45

Phe Val Leu Leu Glu Thr Gly Gln Ala Gly Ile Thr Arg Ser Val

50 55 60

Val Ala Thr Thr Arg Ala Arg Val Cys Arg Arg Lys Tyr Cys Gln Arg

65 70 75 80

Pro Cys Asp Ser Leu His Leu Cys Lys Leu Asn Leu Leu Gly Arg Cys

85 90 95

His Tyr Ala Gln Ser Gln Arg Asn Leu Cys Lys Tyr Ser His Asp Val

100 105 110

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

115 120 125

Leu Asn Gln Glu Glu Leu Ala Cys Leu Leu Val Gln Ser Asp Pro Phe

130 135 140

Phe Leu Pro Glu Ile Cys Lys Ser Tyr Lys Gly Glu Gly Arg Lys Gln

145 150 155 160

Thr Cys Gly Gln Pro Gln Pro Cys Glu Arg Leu His Ile Cys Glu His

165	170	175
Phe Thr Arg Gly Asn Cys Ser Tyr Leu Asn Cys Leu Arg Ser His Asn		
180	185	190
Leu Met Asp Arg Lys Val Leu Thr Ile Met Arg Glu His Gly Leu Ser		
195	200	205
Pro Asp Val Val Gln Asn Ile Gln Asp Ile Cys Asn Asn Lys His Ala		
210	215	220
Arg Arg Asn Pro Pro Gly Thr Arg Ala Ala His Pro His Arg Arg Gly		
225	230	235
Gly Ala His Arg Asp Arg Ser Lys Ser Arg Asp Arg Ser Cys Gly Arg		
245	250	255
Ser Ser Leu Glu Gly Pro Arg Phe Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu		
260	265	270
Asp Leu Asn Met His Thr Gly His His His His His		
275	280	285

&lt;210&gt; 14

&lt;211&gt; 855

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; 人工序列

&lt;220&gt;

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 14

atggcagatc ccgggttatg ctgttcatc accaagatcc tggcgccccca cggggggccgt	60
atgaccctgg aggaactgct gggtagatc aggctccccg aggccgcagct ctacgagctg	120
ctggagacgg cggggcccgta tcgcttcgtg ctattggaga ctggaggcca ggccgggatc	180
actcggtctg tagtggtcac tactcgagcc cgccgtctgcc gtcggaaagta ctgccagaga	240
ccctgcgaca gcctgcacct ctgaagacctt aatctgcctcg gccgggtgcca ctatgcacag	300
tctcagcgga acctctgcaa atattctcac gatgttctct cggAACAGAA cttccagatc	360
ctgaagaatc atgagcttc tggcctaaca caagaggagc tagcttgcct cctggcaca	420
agcgaccctt tttctgccc cgagatatgc aagagttaca aaggagagggg ccgaaaacag	480
acctgtggc agccacagcc atgcgagaga ctccacatct gtgagcactt cacccgggc	540
aactgcagtt acctaactg tctcaggatct cacaacctga tggacagaaaa ggtgttgacc	600
atcatgaggg agcacgggtct gagtcctgat gtgggtccaga acatccggaa catctgcac	660
aacaaacacg ccaggaggaa cccgcctggc acgagagctg cccatccaca ccgcagaggc	720
ggcgcacaca gagacagaag caaaagcaga gaccgttctc gcgcccgctc gagtcttagag	780
ggcccgccgt tcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgaatatgca taccggatcat	840
catcaccatc accat	855

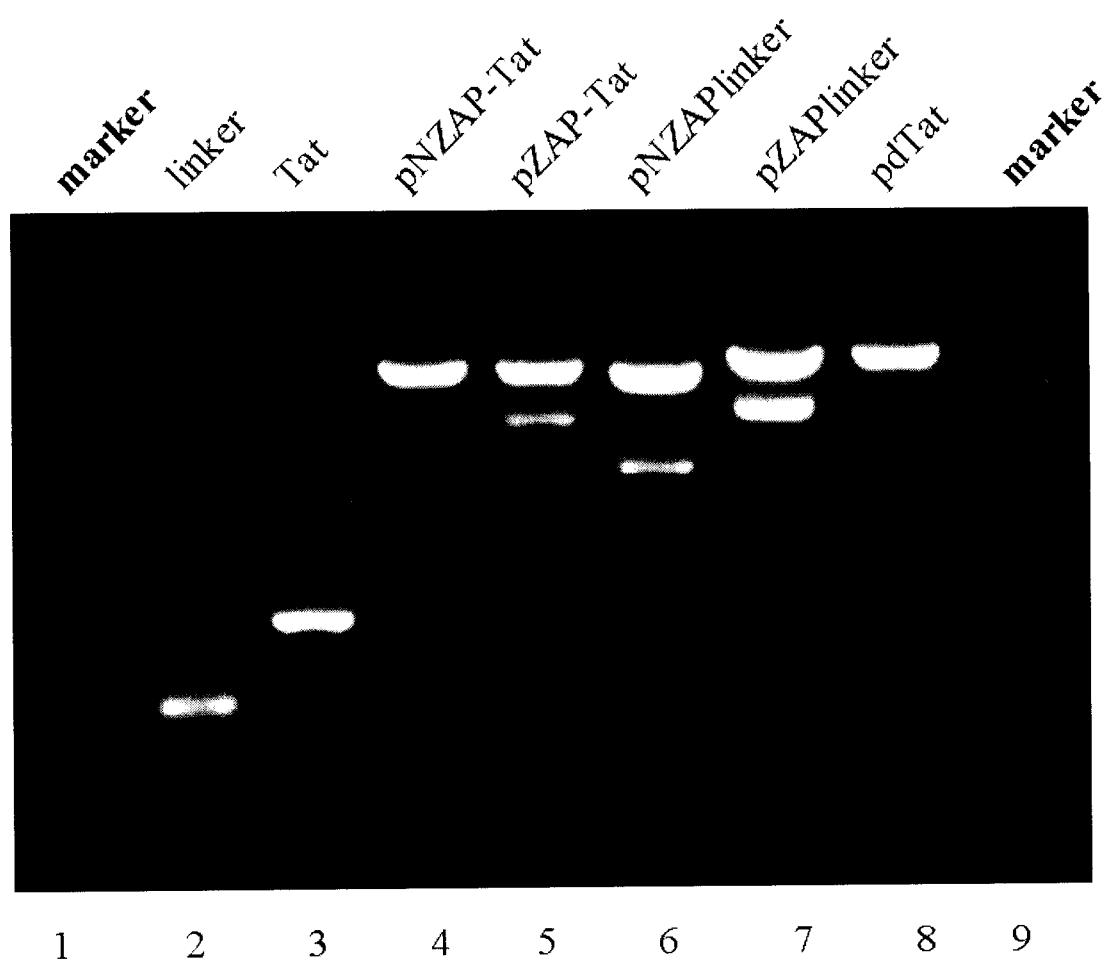


图 1

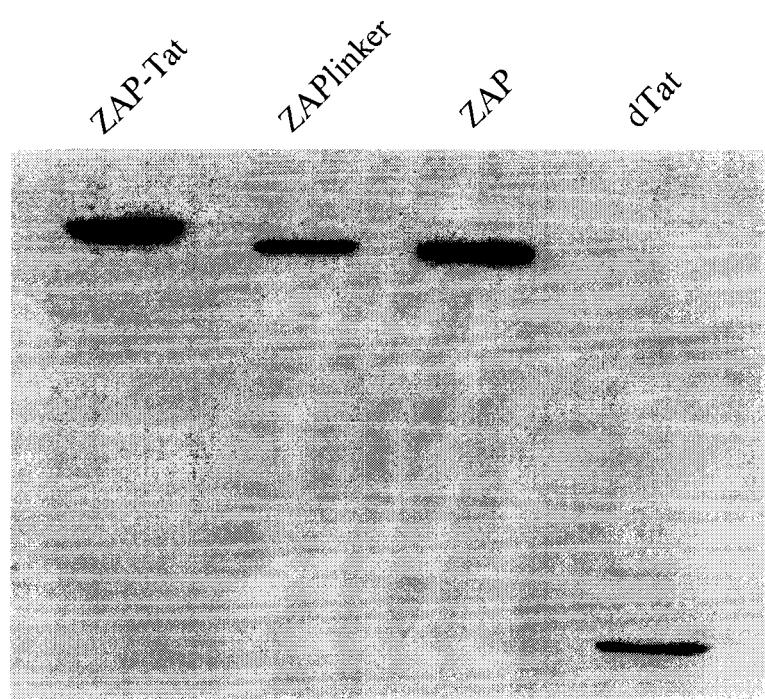


图 2

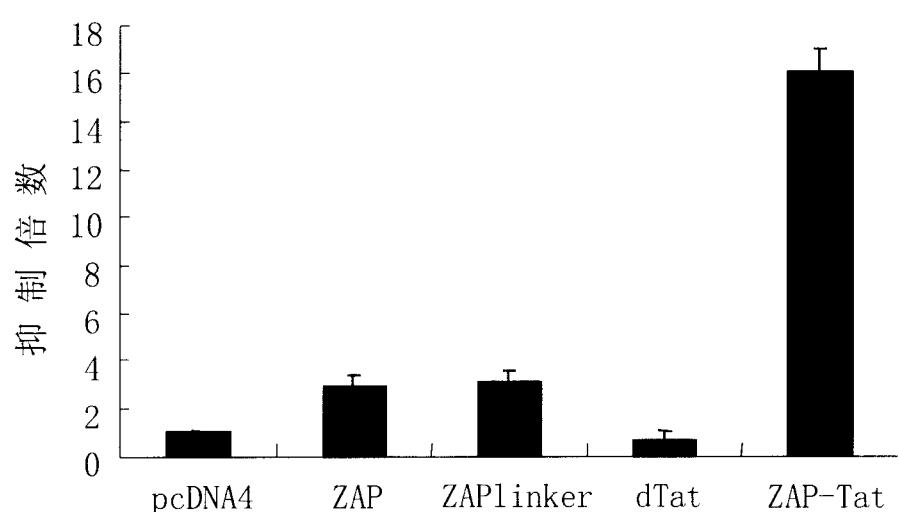


图 3