

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

**特表2005-512539****(P2005-512539A)**

(43) 公表日 平成17年5月12日(2005.5.12)

|                                      |                       |             |
|--------------------------------------|-----------------------|-------------|
| (51) Int.Cl. <sup>7</sup>            | F I                   | テーマコード (参考) |
| <b>C 1 2 N 15/09</b>                 | C 1 2 N 15/00 Z N A A | 2 G O 4 5   |
| <b>C O 7 K 14/705</b>                | C O 7 K 14/705        | 4 B O 2 4   |
| <b>C O 7 K 16/28</b>                 | C O 7 K 16/28         | 4 B O 6 3   |
| <b>C 1 2 N 1/21</b>                  | C 1 2 N 1/21          | 4 B O 6 5   |
| <b>C 1 2 N 5/10</b>                  | C 1 2 Q 1/68 A        | 4 H O 4 5   |
| 審査請求 未請求 予備審査請求 未請求 (全 345 頁) 最終頁に続く |                       |             |

|               |                              |          |                         |
|---------------|------------------------------|----------|-------------------------|
| (21) 出願番号     | 特願2003-552945 (P2003-552945) | (71) 出願人 | 500584309               |
| (86) (22) 出願日 | 平成14年12月18日 (2002.12.18)     |          | シンジェンタ パーティシペーションズ      |
| (85) 翻訳文提出日   | 平成16年6月16日 (2004.6.16)       |          | アクチエンゲゼルシャフト            |
| (86) 国際出願番号   | PCT/US2002/040525            |          | スイス国, ツェーハー 4 0 5 8 パーゼ |
| (87) 国際公開番号   | W02003/052078                |          | ル, シュバルツバルトアレー 2 1 5    |
| (87) 国際公開日    | 平成15年6月26日 (2003.6.26)       | (74) 代理人 | 100099759               |
| (31) 優先権主張番号  | 60/341, 512                  |          | 弁理士 青木 篤                |
| (32) 優先日      | 平成13年12月18日 (2001.12.18)     | (74) 代理人 | 100077517               |
| (33) 優先権主張国   | 米国 (US)                      |          | 弁理士 石田 敬                |
|               |                              | (74) 代理人 | 100087413               |
|               |                              |          | 弁理士 古賀 哲次               |
|               |                              | (74) 代理人 | 100117019               |
|               |                              |          | 弁理士 渡辺 陽一               |
|               |                              | (74) 代理人 | 100082898               |
|               |                              |          | 弁理士 西山 雅也               |
| 最終頁に続く        |                              |          |                         |

(54) 【発明の名称】 昆虫Gタンパク質共役型受容体遺伝子及びそれらの使用

## (57) 【要約】

本発明は、昆虫Gタンパク質共役型受容体GPCRポリペプチドをコードしている単離された核酸、単離された昆虫GPCRポリペプチド、及びそれらの使用を提供する。更に組換えタンパク質及びこれらのタンパク質のインヒビターを同定する方法が提供される。明らかにされた昆虫GPCR核酸及びポリペプチドをスクリーニングアッセイにおいて用い、化合物の変調を同定することができる。本願明細書において明らかにされた方法において活性があるタンパク質インヒビターは、殺虫剤、殺外部寄生体剤、駆虫剤、薬補助剤(anthenentic agent)、及びダニ駆除剤として有用である。

## 【特許請求の範囲】

## 【請求項 1】

(a) 配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつのヌクレオチド配列によりコードされたポリペプチド；

(b) 配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつと実質的と同一の核酸分子によりコードされたポリペプチド；

(c) 配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのアミノ酸配列を含むポリペプチド；

(d) 配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのポリペプチドと生物学的に同等であるポリペプチド；又は

(e) 配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのポリペプチドとの特異的結合性を示す抗体と免疫学的に交差反応性であるポリペプチド；

を含む、単離されたポリペプチド。

## 【請求項 2】

(a) 配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつのヌクレオチド配列；又は

(b) 配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつと実質的に同じ核酸分子；

を含む、単離された核酸分子。

## 【請求項 3】

異種プロモーターと機能的に連結された、請求項2記載の核酸分子を含む、キメラ遺伝子。

## 【請求項 4】

請求項3記載のキメラ遺伝子を含む、ベクター。

## 【請求項 5】

請求項3記載のキメラ遺伝子を含む、宿主細胞。

## 【請求項 6】

細胞が、細菌細胞、昆虫細胞、及び植物細胞からなる群より選択される、請求項5記載の宿主細胞。

## 【請求項 7】

Gタンパク質共役型受容体ポリペプチドをコードしている核酸分子の検出法であって：

(a) 核酸材料を含有する生物学的試料を入手する工程；

(b) 請求項2記載の核酸分子を、ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件下で、工程(a)の生物学的試料にハイブリダイゼーションし、これにより、請求項2記載の核酸と生物学的試料内の核酸の間に二重鎖構造を形成する工程；及び

(c) 工程(b)の二重鎖構造を検出し、これにより核内受容体核酸分子を検出する工程を含む、方法。

## 【請求項 8】

請求項1記載のポリペプチドを特異的に認識する、抗体。

## 【請求項 9】

Gタンパク質共役型受容体ポリペプチドを特異的に認識する抗体の作出法であって：

(a) 配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかに示されたような、昆虫の核内受容体ポリペプチド、又はそれらの一部を組換えの又は合成的に作出する工程；

(b) 工程(a)のポリペプチドを配合し、これによりこれを有効な免疫原とする工程；

(c) 工程(b)の配合物を動物へ投与し、抗体産生を含む動物における免疫応答を生じ、ここで抗体は、動物の血清中に存在する工程；及び

(d) 工程(c)の動物から血清を採取し、この血清は、核内受容体ポリペプチドを特異的に認識する抗体を含む；

工程を含む、方法。

## 【請求項 10】

Gタンパク質共役型受容体ポリペプチドレベルの検出法であって：

(a) ペプチド系物質を含有する生物学的試料を得る工程；及び

10

20

30

40

50

(b)工程(a)の生物学的試料中のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドを、請求項8記載の抗体との免疫化学的反応により検出し、これにより試料中のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドのレベルを決定する；

工程を含む、方法。

【請求項11】

Gタンパク質共役型受容体機能を変調する物質の同定法であって：

(a)請求項1記載のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドを単離する工程；

(b)単離されたGタンパク質共役型受容体ポリペプチドを、複数の候補物質に曝露する工程；

(c)候補物質を、単離された核内受容体ポリペプチドへの結合についてアッセイする工程；及び 10

(d)単離されたGタンパク質共役型受容体ポリペプチドへの特異的結合性を示す候補物質を選択する；

工程を含む、方法。

【請求項12】

Gタンパク質共役型受容体機能を変調する殺虫物質の同定法であって：

(a)配列番号：2-108の偶数番号のいずれかひとつのGタンパク質共役型受容体ポリペプチドを単離し、ここで昆虫のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドの変調が、幼虫期昆虫の致死性を付与する工程；

(b)単離されたGタンパク質共役型受容体ポリペプチドを、複数の物質に曝露する工程； 20

(c)物質を、単離されたGタンパク質共役型受容体ポリペプチドへの結合についてアッセイする工程；及び

(d)単離されたGタンパク質共役型受容体ポリペプチドへの特異的結合性を示す物質を選択する；

工程を含む、方法。

【請求項13】

植物の昆虫加害を予防又は駆除する方法であって：

(a)請求項12記載の方法により同定されたGタンパク質共役型受容体モジュレーターを含有する殺虫組成物を調製する工程；及び

(b)殺虫組成物の有効量を植物と接触し、これにより植物の昆虫加害を予防又は駆除する； 30

工程を含む、方法。

【請求項14】

殺虫組成物が、化合物、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体を含有する、請求項13記載の方法。

【請求項15】

植物の線虫加害を予防又は駆除する方法であって：

(a)請求項12記載の方法に従い同定されたGタンパク質共役型受容体モジュレーターを含有する殺虫組成物を調製する工程；及び

(b)殺虫組成物の有効量を植物と接触し、これにより植物の線虫加害を予防又は駆除する； 40

工程を含む、方法。

【請求項16】

植物の昆虫加害を予防又は駆除する方法であって、請求項1記載のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドの活性を変調するGタンパク質共役型受容体モジュレーターを植物内で発現させ、これにより植物の昆虫加害を予防又は駆除する工程を含む、方法。

【請求項17】

生体活性物質が、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体を含む、請求項16記載の方法。

【請求項18】

植物の線虫加害を予防又は駆除する方法であって、請求項1記載のGタンパク質共役型受容体ポリペプチドの活性を変調する生体活性物質を植物内で発現させ、これにより植物の線虫加害を予防又は駆除する工程を含む、方法。

#### 【請求項19】

DNA結合ドメイン、リガンド結合ドメイン、及び活性化もしくは抑制ドメインを含むキメラGタンパク質共役型受容体カセットであって、ここでDNA結合ドメイン、リガンド結合ドメイン、及び活性化ドメインの1種又は複数は、配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつの一部と同じ又は実質的に同じアミノ酸配列を含む、カセット。

#### 【請求項20】

標的ヌクレオチド配列の発現を誘導する方法であって：

10

(a)請求項19記載のキメラGタンパク質共役型受容体発現カセットを構築する工程；及び  
(b)標的ヌクレオチド配列及びキメラGタンパク質共役型受容体発現カセットのDNA-結合ドメインにより認識されるcis調節エレメントを有するタンパク質発現カセットを構築する工程；

(c)異種生物において、キメラGタンパク質共役型受容体発現カセット及び標的発現カセットを発現する工程；及び

(d)キメラGタンパク質共役型受容体発現カセットのリガンド結合ドメインに結合するリガンドを生物と接触させ、これにより標的ヌクレオチド配列が発現される工程を含む、方法。

#### 【請求項21】

20

異種生物が植物である、請求項20記載の方法。

#### 【発明の詳細な説明】

#### 【技術分野】

#### 【0001】

本出願は、その全体が本願明細書に参照として組入れられている、2001年12月18日に出版された米国特許仮出願第60/341,512号の利益を享受するものである。

#### 【0002】

#### 発明の技術分野

本発明は概して、キイロショウジョウバエ(*Drosophila melanogaster*)、オオタバコガ(*Heliothis virescens*)、又はタバコスズメガ(*Manduca sexta*)由来のGタンパク質共役型受容体(GPCR)遺伝子に関する。より詳細に述べると、本発明は、新規GPCR核酸配列及びポリペプチド配列、明らかにされたGPCR配列を含むキメラ遺伝子、明らかにされたGPCRポリペプチドを特異的に認識する抗体、GPCR核酸及びポリペプチドのモジュレーター、及びそれらの使用に関する。

30

#### 【0003】

#### 略号表

ATCC：アメリカンタイプカルチャーコレクション

dsRNA：二本鎖RNA

dsRNAi：二本鎖RNA干渉

FCS：蛍光相関分光法

40

GPCR：Gタンパク質共役型受容体

GST：グルタチオンSトランスフェラーゼ

HMM：隠れマルコフモデル

IPM：統合的有害生物駆除

PCR：ポリメラーゼ連鎖反応

PEG：ポリエチレングリコール

RACE：cDNA末端迅速増幅(rapid amplification of cDNA ends)

SELDI-TOF MS：表面増強レーザー脱離／イオン化飛行時間質量分析

Sf9細胞：ハスモンヨトウ近似種(*Spodoptera frugiperda*)細胞：

SPR：表面プラズモン共鳴

50

## 【背景技術】

## 【0004】

## 背景

昆虫は、多くのヒト及び動物の疾患に寄与するか又はこれを引き起こし、かつ実質的農業及び地所の損害の原因となる。金銭、時間及び苦痛における害虫に関連した社会的コストは、大変なものである。これらの問題点を克服するために、殺虫化合物が開発され、使用されている。殺虫剤の穀物保護に関する世界的市場規模の合計は、50億ドルを超えており、殺虫剤製品は、農薬の世界的消費のおよそ32%を占めている。

## 【0005】

殺虫剤開発は、主に新規化学構造を先がけて見つける努力により導かれている。この戦略に従い、公知の殺虫剤の化学的誘導体化が行われ、合成された化合物が、殺虫活性について分析されている。代替りの方法は、候補化合物と標的分子の間の分子相互作用を検出する方法に頼っている。理想的標的分子は、昆虫の発生期間中正確に調節され、その結果標的分子の活性又は活性レベルの変調が、生物の致死性をもたらす。ハイスループットスクリーニング法は、標的分子と相互作用する能力に関する多様かつ多数の化合物ライブラリーの迅速なスクリーニングを可能にしている。このような方法により発見された新規モジュレーターは、殺虫剤として有用である。

10

## 【0006】

標的分子は、更に幼虫発生期に致死性を生じる標的分子活性の変調を基に選択することができる。昆虫の生活環は、その動物が体積を数千倍も増大することができるような成長に費やされる連続する幼虫期又は若虫期を必要としている。この成長を維持するために、未熟な昆虫は、長期間衰えずに摂食し、その結果この発生期は農作物にとって特に有害である。

20

## 【0007】

多細胞生物の適切な発生及び生理における重要な要因は、細胞のその環境に対する正確な相互作用である。細胞により認識される環境シグナルのひとつの機序は、形質膜局在化した受容体タンパク質によるものである。形質膜上に認められた受容体の多くの範疇の中で、Gタンパク質共役型受容体(GPCR)が、多種多様な細胞外シグナルを、ヘテロ三量体Gタンパク質への可逆的結合により細胞の細胞質へと伝達することが示されている。GPCRタンパク質は、形質膜を7回貫通し、それらのアミノ末端を細胞外側に有し、それに続いて7個の連続する膜貫通ドメインがあり、及びそれらのカルボキシ末端を膜の細胞質側に有するような立体配置である。相互作用する分子又はリガンドは、アミノ末端及び／又は3個の細胞外ループと相互作用し、この受容体の細胞質部分に、その細胞質Gタンパク質への結合を変更させるような立体配置の変化を生じる。本発明のもののようなGタンパク質共役型受容体は、リガンド、受容体、及び細胞内Gタンパク質間の高-親和性3つ組複合体の形成を促進するリガンドの能力により特徴付けられる。この複合体は、生理的濃度のGTPの存在下で形成され、かつGタンパク質αサブユニットの、Gタンパク質のβ及びγサブユニットからの解離を生じ、このことは更に機能的反応、すなわち、アデニル(adenylyl)シクラーゼ又はホスホリパーゼCのような、下流エフェクターの活性化を生じる。

30

## 【0008】

GPCRの細胞外刺激に対する細胞内反応を生じる能力は、このクラスのタンパク質を、薬物及び化学物質の発見において非常に価値のあるものにしている。市販されている全ての医薬品の60%もの多くが、直接又は間接にGPCRシグナル伝達に関与していると推定されている。これらの薬物のいくつかの例は、H1-ヒスタミン受容体アンタゴニストであるロタラジン(Claritin(登録商標))、及びアデノシン受容体アンタゴニストであるテオフィリン(TheoDur(登録商標))がある。疼痛認知及び食欲調節の変調のようなヒトにおける複雑な生理的反応は、GPCRシグナル伝達の結果として同定されている。

40

## 【0009】

ヒトと同じように、多くの昆虫の発達過程及び生理的過程が、GPCRシグナル伝達により調節されている。例えば、セロトニン受容体5-HT<sub>2</sub>は、ショウジョウバエにおいて胚の発

50

達に必要である(Colasら、Mech. Dev.、87:67-76 (1999))。「フラミンゴ(flamingo)」と称される別のGPCRは、発達時に、樹状細胞形成及び細胞極性を含む、複数の役割を有する(Gaoら、Neuron、28:91-101 (2000)；及び、Usuiら、Cell、98:585-595 (1999))。同じく、昆虫の腎臓腺であるマルピーギ管内の液体分泌は、複数のGPCRにより指示されることが示されている(Pietrantonioら、Insect Mol Biol、10(4):357-69 (2001))。昆虫の生涯を通じたこれらの複数の機能は、これらのGPCRが、殺虫剤開発のための優れた標的をもたらす理由である。自然界では、クロゴケグモの毒であるラトロキシンが、ラトロフィリン(latrophilin)と称されるGPCRを介して、その作用を開始することが示されている。

#### 【0010】

改善された効能及び新規作用様式を示す殺虫剤が継続して求められている。この目的のために、本発明は、ショウジョウバエ発生時のGタンパク質共役型受容体の機能的特性を明らかにしている。 10

#### 【発明の開示】

#### 【0011】

#### 発明の概要

本発明は、単離された昆虫GPCRポリペプチド及びそれをコードしている単離された核酸分子を明らかにしている。好ましくは、単離された昆虫GPCRポリペプチド、又はそれらの機能部分は、配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつの核酸分子によりコードされたポリペプチド；配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつと実質的に同じ核酸分子によりコードされたポリペプチド；配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのアミノ酸配列を有するポリペプチド；配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつと生物学的に同等であるポリペプチド；又は、配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつの一部又は全てのアミノ酸を含むポリペプチドに特異的に結合することを示す抗体と免疫学的に交差反応性であるポリペプチドを含む。 20

#### 【0012】

ひとつの態様において、本発明は、その相補体が奇数番号の配列番号：1-107からなる群より選択される配列ヘストリンジェントな条件下でハイブリダイズするヌクレオチド配列を含む、単離された核酸分子を提供している。別の態様において、本発明は、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と、少なくとも60%、好ましくは70%、より好ましくは80%、更により好ましくは90%、なお更に好ましくは95%、及び最も好ましくは99~100%の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むタンパク質をコードしているヌクレオチド配列を含む、単離された核酸分子を提供する。 30

#### 【0013】

本発明は、本発明の核酸分子に機能的に連結されたプロモーターを含むキメラ構築体も提供し、ここでこのプロモーターは、好ましくは真核生物において機能し、ここでこのプロモーターは、好ましくはこの核酸分子に対し異種である。より好ましくは、このプロモーターは、植物において機能する。

#### 【0014】

本発明は更に、本発明のキメラ構築体を含む、組換えベクターを提供し、ここで該ベクターは、宿主細胞へ安定して形質転換されることが可能である。本発明はより更に本発明の核酸分子を含む宿主細胞を提供し、ここで該核酸分子は、この細胞において発現可能であることが好ましい。宿主細胞は好ましくは、植物細胞、酵母細胞、昆虫細胞、及び原核細胞からなる群より選択される。本発明は加えて、本発明の植物細胞を含む植物体又は種子を提供する。 40

#### 【0015】

本発明は、昆虫の成長に必須のタンパク質も提供する。ひとつの態様において、本発明は、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列に対して、少なくとも60%、好ましくは70%、より好ましくは80%、更により好ましくは90%、なお更に好ましくは95%、及び最も好ましくは99~100%の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む単離されたタンパク質を提供する。別の態様において、本発明は、本発明のタンパク質 50

の組換え作出、及びこのタンパク質と相互作用する化合物を同定するためのアッセイにおける本発明のタンパク質の使用法にも関する。

#### 【0016】

別の本発明の局面において、昆虫GPCRポリペプチドをコードしている核酸分子を検出する方法が提供される。この方法に従い、核酸材料を有する生物学的試料が、本発明の昆虫GPCR核酸分子へ、ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件下でハイブリダイズされる。このようなハイブリダイゼーションは、生物学的試料の核酸分子及び昆虫GPCR核酸分子が検出可能な二重鎖構造を形成することを可能にする。好ましくは昆虫GPCR核酸分子は、配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつのヌクレオチドの一部又は全てを含む。本発明は更に、昆虫GPCRポリペプチドを特異的に認識する抗体を示している。好ましくはこの抗体は、配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのアミノ酸の一部又は全てを認識する。昆虫GPCR抗体の産生法も開示されており、この方法は、配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつに示されたような、昆虫GPCRポリペプチド、又はそれらの一部を組換え又は合成的に作成すること；効果的免疫原となるように、昆虫GPCRポリペプチドを配合すること；この配合されたポリペプチドで動物を免疫処置し、昆虫GPCR抗体の産生を含む免疫応答を形成すること；並びに、昆虫GPCRポリペプチドを特異的に認識する抗体を含む免疫処置した動物から血清を採取することを含む。抗体-産生細胞は、不死化された細胞株と任意に融合され、これにより昆虫GPCRポリペプチドを特異的に認識するモノクローナル抗体を選択することができる。

10

#### 【0017】

配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかの昆虫GPCRポリペプチドを認識する抗体を用い、昆虫GPCRポリペプチドのレベルを検出する方法も提供される。本方法に従い、生物学的試料が、実験対象及び対照対象から得られ、並びに試料中の昆虫GPCRポリペプチドが、昆虫GPCR抗体との免疫化学的反応により検出される。好ましくはこの抗体は、配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつのアミノ酸を認識し；並びに、このような抗体を産生する本発明の方法に従い調製される。

20

#### 【0018】

本発明は更に、GPCR機能を変調する化合物を同定する方法を明らかにしている。この方法は以下を含む：(a)配列番号：2-108の偶数番号配列のいずれかひとつの単離された昆虫GPCRポリペプチドを、1種又は複数の化合物へ曝露する工程、及び(b)化合物の単離された昆虫GPCRポリペプチドへの結合をアッセイする工程。単離された昆虫GPCRポリペプチドへの特異的結合を明らかにする化合物が選択される。このモジュレーターは、化合物、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体であり、及び本願明細書に明らかにされた方法により調製されることが好ましい。

30

#### 【0019】

本発明は、GPCR機能を変調する殺虫化合物を同定する方法も提供する。この方法は以下を含む：(a)偶数番号の配列番号：2-108のいずれかひとつの昆虫GPCRポリペプチドを単離し、ここで昆虫GPCRポリペプチドの変調は、昆虫の致死性を付与する工程；(b)単離された昆虫GPCRポリペプチドを、複数の物質に曝露する工程；(c)物質の単離されたGPCRポリペプチドへの結合をアッセイする工程；並びに、(d)単離された昆虫GPCRポリペプチドへの特異的結合を明らかにする物質を選択する工程。モジュレーターは、化合物、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体であり、及び本願明細書に明らかにされた方法により調製されることが好ましい。

40

#### 【0020】

本発明は、昆虫の生存に必須のタンパク質、好ましくはGタンパク質共役型受容体をコードしているヌクレオチド配列を含む、昆虫から単離された核酸分子を提供する。この知識は、新規の殺虫作用様式を提供するために活用されている。本発明の各ヌクレオチド配列によりコードされたタンパク質の昆虫の成長における重要な役割は、昆虫においてこれらのタンパク質のいずれかひとつの機能を阻害する化学物質は恐らく昆虫に対する有害な作用を有し、及び良好な殺虫剤候補である可能性があることを暗示している。従って必須

50

のヌクレオチド配列によりコードされたタンパク質は、新規殺虫剤の容易かつ迅速な同定のためにデザインされたアッセイの基礎を提供する。

#### 【0021】

従って本発明は、それらのインヒビターを同定するために、以下に説明されたヌクレオチド配列のいずれかひとつによりコードされた精製されたタンパク質を用いる方法を提供し、その後これは、望ましくない昆虫の成長を抑制するための殺虫剤として、例えば作物、特に農業的に重要な作物、例えばトウモロコシ並びにコムギ、オート麦、ライ麦、モロコシ、コメ、オオムギ、キビなどの禾穀類、芝及び牧草など、更には綿花、サトウキビ、甜菜、油料種子ナタネ、及びダイズなどが生育する圃場において、使用することができる。

10

#### 【0022】

別の局面において、本発明は、殺虫化合物を同定する方法を提供し、これは：(a)偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも90%同一であるアミノ酸配列を有するポリペプチドを、該ポリペプチド結合能について試験される化合物と、結合に役立つ条件下で一緒にする工程；(b)該ポリペプチドに結合する工程(a)において同定された化合物を選択する工程；(c)工程(b)において選択された化合物を、植物へ適用し、殺虫活性について試験する工程；並びに、(d)殺虫活性を有する工程(c)において同定された化合物を選択する工程を含む。好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも95%同一であるアミノ酸配列を含む。より好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも99%同一であるアミノ酸配列を含む。最も好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列を含む。本発明は更に、昆虫の成長又は生存を殺傷又は阻害する方法を提供し、これは本方法に従い同定された殺虫化合物を昆虫へ適用するか、又は植物組織へ適用することを含む。

20

#### 【0023】

更に別の局面において、本発明は、殺虫性化合物を同定する方法を提供し、これは：(a)偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも90%同一であるアミノ酸配列を含むポリペプチドを、該ポリペプチド活性阻害能について試験される化合物と、阻害に役立つ条件下で一緒にする工程；(b)工程(a)において該ポリペプチドの活性を阻害することが同定された化合物を選択する工程；(c)工程(b)において選択された化合物を昆虫へ適用し、殺虫活性について試験する工程；並びに、(d)工程(c)において殺虫活性を有すると同定された化合物を選択する工程を含む。好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも95%同一であるアミノ酸配列を含む。より好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と少なくとも99%同一であるアミノ酸配列を含む。最も好ましくは、このポリペプチドは、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列を含む。本発明は更に、本方法により同定された殺虫化合物を、昆虫へ適用するか、又は植物組織へ適用することを含む、昆虫の成長又は生存を殺傷又は阻害する方法も提供する。

30

40

#### 【0024】

本発明は更に、偶数番号の配列番号：2-108からなる群より選択されるアミノ酸配列と、少なくとも60%、好ましくは70%、より好ましくは80%、更により好ましくは90%、なお更に好ましくは95%、及び最も好ましくは99~100%の配列同一性を有するタンパク質の、該昆虫における発現を阻害することを含む、昆虫の成長又は生存を殺傷又は阻害する方法を提供する。

#### 【0025】

本発明は更に、植物の昆虫加害を予防又は処置する方法を提供し、これは：(a)偶数番号の配列番号：2-108のいずれかひとつとして示された昆虫GPCRのモジュレーターである殺虫組成物を調製する工程；及び、(b)有効量の殺虫組成物を植物と接触し、これにより

50



植物の昆虫加害を予防又は駆除する工程を含む。好ましくは、殺虫組成物は、化合物、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体を含み、かつ本願明細書に明らかにした方法により調製した。好ましくは、昆虫加害は、昆虫の致死性により駆除される。ひとつの態様において、殺虫組成物は、殺線虫活性も発揮し、その結果有効量の殺虫組成物を植物と接触することは、植物の線虫加害を予防又は駆除する。

#### 【0026】

本発明は更に、植物の昆虫加害を予防又は駆除する方法を提供し、この方法は：(a)偶数番号の配列番号：2-108のいずれかひとつの昆虫GPCRポリペプチドの活性を変調する昆虫GPCRモジュレーターを植物において発現し、これにより植物の昆虫加害を予防又は駆除する工程を含む。好ましくは、この殺虫組成物は、タンパク質、ペプチド、核酸、又は抗体を含む。ひとつの態様において、殺虫組成物は加えて、殺線虫活性を示し、その結果昆虫GPCRモジュレーターの植物における発現は、植物の線虫加害を予防又は駆除する。本発明は更に、昆虫GPCRモジュレーターを発現し、並びにその結果植物に寄生する線虫加害を阻害することを可能にする、植物、植物組織、植物種子、及び植物細胞を具体化している。

10

#### 【0027】

従って本発明の目的は、新規昆虫GPCR核酸及びポリペプチド、並びにそれに関する新規方法を提供することである。本目的は、本発明により全体又は一部が実現される。

本発明の目的は先に説明されており、その他の本発明の目的及び利点は、当業者には、以下の本発明の説明、及び限定のためでない実施例の研究後、明らかとなるであろう。

20

#### 【0028】

##### 配列リストの配列の簡単な説明

奇数番号のついた配列番号：1-107は、表1に説明されたGPCRをコードしているヌクレオチド配列である。

偶数番号のついた配列番号：2-108は、直前のヌクレオチド配列によりコードされたタンパク質配列であり、例えば、配列番号：2は、配列番号：1のヌクレオチド配列によりコードされたタンパク質であり、配列番号：4は、配列番号：3のヌクレオチド配列によりコードされたタンパク質であるなどである。

配列番号：109は、オクトパミンフォワード縮重プライマーである。

配列番号：110は、オクトパミンリバース縮重プライマーである。

30

配列番号：111は、5'RACEプライマーである。

配列番号：112は、3'RACEプライマーである。

#### 【0029】

表1. 配列リストの要約

【表 1】

| SEQ ID NOS. | 発明者の称呼            |
|-------------|-------------------|
| 1-2         | Adenosine_99E1    |
| 3-4         | Allatostatin_3E1  |
| 5-6         | Gastrin_2C3       |
| 7-8         | wormlike_4F9      |
| 9-10        | Dopamine_6D7      |
| 11-12       | Lymnokinin_11D9   |
| 13-14       | mthlike1_15A      |
| 15-16       | gastrin_17E3      |
| 17-18       | CCK-X_26A1        |
| 19-20       | neuroYY_26B1      |
| 21-22       | GRHR_27A2         |
| 23-24       | Bombesin_42A10    |
| 25-26       | Latrophillin_44D4 |
| 27-28       | wormlike_47E      |
| 29-30       | Calcitonin_49F9   |
| 31-32       | DiureticHor2_51A1 |
| 33-34       | mthlike3_54B16    |
| 35-36       | bombesin_54D4     |
| 37-38       | 5-HT1A_56A        |
| 39-40       | mAcR-60C          |
| 41-42       | Adrenergic_60D1   |
| 43-44       | mthlike9_61C      |
| 45-46       | mthlike10_61C1    |
| 47-48       | wormlike_62       |
| 49-50       | wormlike_63A3     |
| 51-52       | adrenergic_64C    |

10

20

30

【表 2】

| SEQ ID NOS. | 発明者の称呼                               |
|-------------|--------------------------------------|
| 53-54       | lymnokinin_64D3                      |
| 55-56       | mthlike2_64D4                        |
| 57-58       | GRHR_69B                             |
| 59-60       | somatostatin_75C1                    |
| 61-62       | NeuroYlike_77A1                      |
| 63-64       | Secretagogue_79A                     |
| 65-66       | 5-HT2_82C4                           |
| 67-68       | NeuroYYlike_83                       |
| 69-70       | mAcChR_84E8                          |
| 71-72       | Takr-86C_86C3                        |
| 73-74       | mthlike5_87A                         |
| 75-76       | GrowthHormone_87F1                   |
| 77-78       | neurotensin_88B1                     |
| 79-80       | DopR_88B1                            |
| 81-82       | Octopamine_90C2                      |
| 83-84       | FSHlike_96E5                         |
| 85-86       | Histamine_97B                        |
| 87-88       | NeuropepYR_97E1                      |
| 89-90       | Galanin_98E2                         |
| 91-92       | Takr-99D_99D1                        |
| 93-94       | 5-HT7_100A2                          |
| 95-96       | He6Receptor_100B1                    |
| 97-98       | Fsh 90c2                             |
| 99-100      | He6Receptor2                         |
| 101-102     | Prostaglandin 74F1                   |
| 103-104     | Oct-TyrR 79D1                        |
| 105-106     | Octopamine type 2 Heliothis          |
| 107-108     | Diuretic Hormone Manduca             |
| 109         | Octopamine forward degenerate primer |
| 110         | Octopamine reverse degererate primer |
| 111         | 5' RACE Primer                       |
| 112         | 3' RACE primer                       |

10

20

30

40

## 【0030】

## 発明の詳細な説明

## I. 定義

下記用語は、当業者には良く理解されていると思われるが、本発明の説明を促進するために、下記の定義を記す。

用語「核酸分子」は、デオキシリボヌクレオチド又はリボヌクレオチド、及び一本鎖又は二本鎖型のいずれかのそれらのポリマーを意味する。特に限定しない限りは、この用語

50

は、参照された天然の核酸に類似した特性を有する天然のヌクレオチドの公知のアナログを含む核酸を包含している。特に別に記さない限りは、特定のヌクレオチド配列は、明白に示された配列に加え、暗にそれらの保存的に修飾された変種(例えば、縮重コドン置換)、相補的配列、部分配列、伸長された配列も包含している。用語「核酸分子」又は「ヌクレオチド配列」は、「遺伝子」、「cDNA」、又は「mRNA」の代わりに使用することもできる。核酸は、あらゆる生物を含む、あらゆる給源に由来することができる。

#### 【0031】

核酸分子の文脈において使用される用語「単離された」とは、核酸分子が固有の環境から離れて存在し、及び天然の生成物でないことを示す。単離されたDNA分子は、精製された形で存在するか、もしくはトランスジェニック宿主細胞のような固有でない環境で存在することができる。

10

#### 【0032】

用語「精製された」は、核酸に適用される場合は、その核酸が、天然の状態ではそれと会合されている他の細胞成分を本質的に含まないことを意味する。好ましくは、精製された核酸分子は、均質な乾燥状態又は水溶液中にある。用語「精製された」は、核酸が、電気泳動ゲルにおいて本質的に1本のバンドを生じることを意味する。特にこれは、核酸が、少なくとも約50%純粋、より好ましくは少なくとも約85%純粋、及び最も好ましくは少なくとも約99%純粋であることを意味する。

#### 【0033】

用語「実質的に同一」は、ふたつのヌクレオチド配列に関する文脈において、下記の配列比較アルゴリズムのひとつを用いて(見出し「ヌクレオチド及びアミノ酸配列比較」に説明された)又は目視検査により測定するように、比較し及び最大の対応となるように並置する場合に、少なくとも60%、好ましくは約70%、より好ましくは約80%、より好ましくは約90~95%、及び最も好ましくは約99%のヌクレオチド同一性を有する2種又はそれよりも多い配列又は部分配列を意味する。好ましくは、実質的同一性は、少なくとも50残基のヌクレオチド配列において、より好ましくは少なくとも約100残基のヌクレオチド配列において、より好ましくは少なくとも約150残基のヌクレオチド配列において、及び最も好ましくは完全なコード配列を含むヌクレオチド配列において存在する。ひとつの局面において、多型配列は、実質的に同じ配列であることができる。用語「多型」は、集団における2種又はそれよりも多い遺伝的に決定された代替の配列又はアレルの出現を意味する。アレルの差は、1塩基対と少なくても良い。

20

30

#### 【0034】

ふたつのヌクレオチド配列が実質的に同じであることの別の指標は、これらふたつの分子がストリンジェントな条件下で特異的に又は実質的に互いにハイブリダイズすることである。核酸ハイブリダイゼーションの文脈において、比較されるふたつの核酸配列は、「プローブ」及び「標的」と称することができる。「プローブ」は参照核酸分子であり、及び「標的」は被験核酸分子であり、核酸分子の異種集団において認められることが多い。「標的配列」は、「被験配列」と同義である。

#### 【0035】

ハイブリダイゼーション試験又はアッセイに使用される好ましいヌクレオチド配列は、本発明の核酸分子の少なくとも約14~40個のヌクレオチド配列に相補的又は擬態であるプローブ配列を含む。好ましくはプローブは、14~20個のヌクレオチド、又は望ましいならばそれよりも長い、例えば30、40、50、60、100、200、300、又は500個のヌクレオチド、もしくは配列番号：1-107の奇数番号配列として示されたもののいずれかの完全長までを含む。このような断片は例えば、断片の化学合成による直接合成、核酸増幅技術の適用、又は組換え産生のための選択された配列の組換えベクターへの導入により、容易に調製することができる。

40

#### 【0036】

語句「特異的ハイブリダイズ」は、その配列が複雑な核酸混合物(例えば、総細胞DNA又はRNA)中に存在する場合に、分子の特定のヌクレオチド配列のみへの、ストリンジェント

50

な条件下での結合、二重鎖形成(duplexing)、ハイブリダイゼーションを意味する。

語句「実質的ハイブリダイズ」は、プローブ核酸分子と標的核酸分子の間の相補的ハイブリダイゼーションを意味し、望ましいハイブリダイゼーションを行うためにハイブリダイゼーション媒体のストリンジェンシーを低下することにより順応される小さいミスマッチを含んでいる。

#### 【0037】

「ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件」及び「ストリンジェントなハイブリダイゼーション洗浄条件」は、サザン及びノーザンブロット分析のような核酸ハイブリダイゼーション実験の文脈においては、配列-及び環境-依存性の両方である。より長い配列は、より高い温度で特異的にハイブリダイズする。核酸のハイブリダイゼーションに関する広範な指針は、Tijssenの著書「Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology - Hybridization with Nucleic Acid Probes」(1993)第I部第2章、Elsevier社、ニューヨーク、NYに認められる。一般に、高ストリンジェントのハイブリダイゼーション条件及び洗浄条件は、規定されたイオン強度及びpHで、具体的配列の融解温度( $T_m$ )よりも約5°C低く選択される。典型的には、「ストリンジェント条件」下で、プローブは、その標的部分配列と特異的にハイブリダイズするが、他の配列とはしないであろう。

10

#### 【0038】

$T_m$ は、標的配列の50%が完全にマッチしたプローブとハイブリダイズする温度(規定されたイオン強度及びpH下)である。非常にストリンジェントな条件は、特定のプローブの $T_m$ と同じになるよう選択される。約100個よりも多い相補的残基を有する相補的核酸のサザン及びノーザンブロット分析のためのストリンジェントなハイブリダイゼーション条件の例は、ヘパリン1mgを含有する50%ホルムアミド中、42°Cでの一晚のハイブリダイゼーションである。高ストリンジェントな洗浄条件は、0.1xSSC、5M NaCl、65°Cで15分間である。ストリンジェントな洗浄条件の例は、0.2xSSC緩衝液中、65°Cで15分間である(SSC緩衝液の説明については、Sambrookら編集、「Molecular Cloning: A Laboratory Manual」、(1989)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NYを参照のこと)。高ストリンジェンシー洗浄に先立ち、バックグラウンドプローブシグナルを除去するために、低ストリンジェンシー洗浄が行われることが多い。約100個よりも多いヌクレオチドの二重鎖形成のための中等度のストリンジェンシー洗浄条件の例は、1xSSC中、45°Cで15分間である。約100個よりも多いヌクレオチドの二重鎖形成のための低ストリンジェンシー洗浄の例は、4~6xSSC中、40°Cで15分間である。短いプローブ(例えば、約10~50個のヌクレオチド)について、ストリンジェント条件は、典型的には、pH7.0~8.3での、約1M未満の $\text{Na}^+$ イオン、典型的には約0.01~1M  $\text{Na}^+$ イオン濃度(又は他の塩)の塩濃度が関与し、並びに温度は典型的には低くとも約30°Cである。ストリンジェント条件は、ホルムアミドのような脱安定化剤の添加により実現することもできる。一般に特定のハイブリダイゼーションアッセイにおける無関係のプローブについて認められた比よりも2-倍の(又はそれよりも高い)S/N比は、特異的ハイブリダイゼーション検出の指標である。

20

30

#### 【0039】

以下に、本発明の参照ヌクレオチド配列と実質的に同一である相同ヌクレオチド配列をクローニングするために使用することができるハイブリダイゼーション条件及び洗浄条件の例を示す：プローブヌクレオチド配列は好ましくは、標的ヌクレオチド配列と、7%ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.5M  $\text{NaPO}_4$ 、1mM EDTA中、50°Cでハイブリダイズし、引き続き2xSSC、0.1% SDS中で50°Cで洗浄し；より好ましくは、プローブ及び標的配列は、7%ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.5M  $\text{NaPO}_4$ 、1mM EDTA中、50°Cでハイブリダイズし、1xSSC、0.1% SDS中で50°Cで洗浄し；より好ましくは、プローブ及び標的配列は、7%ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.5M  $\text{NaPO}_4$ 、1mM EDTA中、50°Cでハイブリダイズし、引き続き0.5xSSC、0.1% SDS中で50°Cで洗浄し；より好ましくは、プローブ及び標的配列は、7%ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.5M  $\text{NaPO}_4$ 、1mM EDTA中、50°Cでハイブリダイズし、引き続き0.1xSSC、0.1% SDS中で50°Cで洗浄し；より好ましくは、プローブ及び標的配列は、7%ドデシル硫酸ナトリウム(SDS)、0.5M  $\text{NaPO}_4$ 、1mM EDTA中、50°Cでハイブリダイズし、

40

50

引き続き0.1xSSC、0.1% SDS中で65℃で洗浄する。

【0040】

ふたつの核酸配列が実質的に同一であることの更なる指標は、これらの核酸によりコードされたタンパク質が、実質的に同じであること、全体の三次構造を共有すること、生物学的機能が同等であること、又は免疫学的に交差反応性であることである。これらの用語は、更に本願明細書において以下に見出し「ポリペプチド」に定義されている。ストリンジント条件下では互いにハイブリダイズしない核酸分子は、対応するタンパク質が実質的に同一である場合には、やはり実質的に同一である。このことは、例えばふたつのヌクレオチド配列が、遺伝暗号により許されるように有意に縮重される場合に生じ得る。

【0041】

用語「保存的に置換された変種」は、1個又は複数の選択された(又は全ての)コドンの第三の位置が、混合型-塩基及び/又はデオキシイノシン残基により置換されている、縮重コドン置換を有する核酸配列を意味する(Batzerら、Nuc Acids Res、19:5081 (1991); Ohtsukaら、J Biol Chem、260:2605-2608 (1985); Rossoliniら、Mol Cell Probes、8:91-98 (1994))。

10

【0042】

用語「部分配列」は、比較的長い核酸配列の一部を含む核酸の配列を意味する。部分配列の例は、本願明細書において先に説明されたプローブ、又はプライマーである。本願明細書において使用される用語「プライマー」は、選択された核酸分子の、約8個又はそれよりも多いデオキシリボヌクレオチド又はリボヌクレオチド、好ましくは10~20個のヌクレオチド、及びより好ましくは20~30個のヌクレオチドを含む連続配列を意味する。本発明のプライマーは、本発明の核酸分子の重合の開始を提供するために十分な長さ及び適当な配列のオリゴヌクレオチドを包含している。

20

【0043】

用語「伸長された配列」は、核酸に組込まれた追加のヌクレオチド(又は他のアナログ分子)を意味する。例えば、ポリメラーゼ(例えば、DNAポリメラーゼ)は、核酸分子の3'末端に配列を加えることができる。加えてこのヌクレオチド配列は、他のDNA配列、例えばプロモーター、プロモーター領域、エンハンサー、ポリアデニル化シグナル、イントロン配列、追加の制限酵素部位、多重クローニング部位、及び他のコードセグメントなどと組合せることができる。

30

【0044】

本願明細書において使用される用語「相補的配列」は、塩基対間に水素結合形成時に、互いに対形成が可能である逆向き平行のヌクレオチド配列を含むふたつのヌクレオチド配列を示す。本願明細書において使用される用語「相補的配列」は、前述の同じヌクレオチド比較により評価することができるように、実質的に相補的であるか、又は本願明細書に説明されたような比較的ストリンジントな条件下で問題の核酸セグメントとのハイブリダイゼーションが可能であると定義されるようなヌクレオチド配列を意味する。相補的核酸セグメントの具体例は、アンチセンスオリゴヌクレオチドである。

【0045】

用語「遺伝子」は、広範に生物学的機能に関連したDNAセグメントを意味する。遺伝子は、コード配列、プロモーター領域、cis調節配列、調節タンパク質の特異的認識配列である発現されないDNAセグメント、遺伝子発現に寄与する発現されないDNAセグメント、望ましいパラメータを有するようにデザインされたDNAセグメント、又はそれらの組合せを含むが、これらに限定されるものではない配列を包含している。遺伝子は、生物学的試料からのクローニング、公知又は予想される配列情報を基にした合成、及び存在する配列の組換え逸脱(deviation)を含む、様々な方法により、得ることができる。

40

用語「遺伝子発現」は、一般に生物学的活性ポリペプチドが、DNA配列から作成される細胞プロセスを意味する。

【0046】

本発明は、明らかにされたGPCR配列を含むキメラ遺伝子も包含している。本願明細書に

50

において使用される用語「キメラ遺伝子」は、GPCRコード配列、アンチセンスRNA分子、ヘアピン構造のような三次構造を有するRNA分子、又は二本鎖RNA分子を作成するヌクレオチド配列に機能的に連結されたプロモーター領域を意味する。

#### 【0047】

本願明細書において使用される用語「機能的に連結された」とは、そのヌクレオチド配列の転写がそのプロモーター領域により制御及び調節されるような方法で、ヌクレオチド配列に連結されているプロモーター領域を意味する。プロモーター領域をヌクレオチド配列へ機能的に連結する技術は、当該技術分野において公知である。

#### 【0048】

本願明細書において使用される用語「異種遺伝子」、「異種DNA配列」、「異種ヌクレオチド配列」、「外因性核酸分子」又は「外因性DNAセグメント」は、各々意図された宿主細胞に対して外来の給源を起源とする配列、又は同じ給源に由来する場合は、その当初の形が修飾されることを意味する。従って宿主細胞内の異種遺伝子は、特定の宿主細胞に対して内因性であるが、例えば突然変異誘発もしくは固有のシス調節配列からの単離により修飾されているような遺伝子を含む。これらの用語は、天然のヌクレオチド配列の天然ではなく生じる複数のコピーも含む。従ってこれらの用語は、その細胞に対して外来又は異種であるか、又は細胞に対して同種であるが、しかしそのエレメントが通常認められない宿主細胞核酸内の位置にある、DNAセグメントを意味する。

10

#### 【0049】

用語「転写因子」は、一般に、シス調節エレメント及び転写のための細胞成分との相互作用により、遺伝子発現を変調するタンパク質を意味し、これらは、RNAポリメラーゼ、転写関連因子(TAF)、クロマチン-リモデリングタンパク質、及び遺伝子転写に影響を及ぼすいずれか他の関連タンパク質を含む。

20

#### 【0050】

本発明は更に、プラスミド、コスミド、及びウイルスベクターを含む、明らかにされた核配列を含んでいるベクターを含む。本願明細書において使用される用語「ベクター」は、適合性のある宿主細胞におけるその複製を可能にする配列を有するDNA分子を意味する。ベクターは、ベクター内のヌクレオチド配列のライゲーションを可能にするヌクレオチド配列も含み、ここでこのようなヌクレオチド配列も、適合性のある宿主細胞において複製される。ベクターは、GPCRポリペプチドの組換え作出を媒介することもでき、これは本願明細書において以下に更に説明される。好ましい宿主細胞は、細菌細胞、昆虫細胞、植物細胞又は哺乳類細胞である。

30

#### 【0051】

本発明の核酸は、クローニング、合成、組換え的变化、突然変異誘発、又はそれらの組合せを行うことができる。核酸を単離するために使用される標準の組換えDNA及び分子クローニング技術は、当該技術分野において公知である。例証的だが限定しない方法は、Sambrookら編集の「Molecular Cloning」、(1989)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NY；Silhavyら、「Experiments with Gene Fusions」、(1984)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NY；Sambrook、「Molecular Cloning: a Laboratory Manual」、(2001)(第3版)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NY；Ausubelら、「Current Protocols in Molecular Biology」、(1992)、John Wiley and Sons社、ニューヨーク、NY；及び、Glover編集、「DNA Cloning: A Practical Approach」、(1985)、MRL Press社、オックスフォード、英国に説明されている。塩基対の変化、欠失、又は小さい挿入を作成するための位置指定突然変異誘発も、刊行物により例証されているので、当該技術分野において公知である。例えば、Adelmanら、DNA、2:183 (1983)；Sambrookら編集、「Molecular Cloning」、(1989)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NYを参照のこと。

40

#### 【0052】

本発明の方法により検出された配列は、ジデオキシ法配列決定、PCR、オリゴマー制限(

50

oligomer restriction)(Saikiら、Bio/Technology、3:1008-1012 (1985))、アレル-特異性オリゴヌクレオチド(ASO)プローブ分析(Connerら、Proc Natl Acad Sci USA、80:278 (1983))、及びオリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ(OLA) (Landgrenら、Science、241:1007 (1988))を含むが、これらに限定されるものではない、特異的DNA配列の検出に通常適用される方法を用い、当該技術分野において公知の測定により、検出され、サブクロニングされ、配列決定され、更に評価される。同じくLandgrenら、Science、242:229-237 (1988)も参照のこと。

#### 【0053】

本発明により提供されたポリペプチドは、配列番号：2-108の偶数配列に示された単離されたポリペプチド；配列番号：2-108の偶数番号配列と実質的に同一であるポリペプチド；GPCRポリペプチド断片(好ましくは生物学的機能断片、例えば本願明細書に説明したドメイン)、明らかにされたGPCRアミノ酸配列を含む融合タンパク質、生物学的機能アナログ、及び明らかにされたGPCRポリペプチドを特異的に認識する抗体と交差反応するポリペプチドを含む。

10

#### 【0054】

ポリペプチドの文脈で使用される用語「単離された」は、ポリペプチドが、その固有の環境から離れて存在し、及び天然の産物ではないことを意味する。単離されたポリペプチドは、精製された形で存在することができ、又は例えば、トランスジェニック宿主細胞のような固有ではない環境に存在することができる。

#### 【0055】

用語「精製された」は、ポリペプチドに適用される場合は、そのポリペプチドが、天然の状態では会合されている他の細胞成分を本質的に含まないことを意味する。好ましくはポリペプチドは、均質な固形又は水性溶液である。純度及び均質性は、典型的にはポリアクリルアミドゲル電気泳動又は高速液体クロマトグラフィーのような、分析化学技術を用いて決定される。調製物中に主な種として存在するポリペプチドは、実質的に精製される。用語「精製された」は、ポリペプチドが、電気泳動ゲルにおいて、本質的に1本のバンドを生じることを意味する。特にこれは、ポリペプチドが、少なくとも約50%純粋、より好ましくは少なくとも約85%純粋、及び最も好ましくは少なくとも約99%純粋であることを意味する。

20

#### 【0056】

2種又はそれよりも多いポリペプチド配列の文脈において用語「実質的に同一」は、約35%、又は45%、又は好ましくは45~55%、又はより好ましくは55~65%同一又は機能的同等であるアミノ酸を有するポリペプチド配列として測定される。更により好ましくは、2種又はそれよりも多い「実質的に同一」のポリペプチド配列は、約70%、又はより好ましくは約80%、更により好ましくは約90%、より更に好ましくは約95%、及び最も好ましくは約99%の同一又は機能的に同等であるアミノ酸を有するであろう。%「同一性」及び同一性を決定する方法は、下記の見出し「ヌクレオチド及びアミノ酸配列比較」に定義されている。

30

#### 【0057】

実質的に同一ポリペプチドも、保存された三次構造を共有する2種又はそれよりも多いポリペプチドを包含している。コンピュータを使用する方法を用い、構造の描写を比較し、並びに重要な活性部位又はリガンド結合部位の周囲の類似性を確定するために、構造モデルを作成し、容易に調節することができる。Henikoffら、Electrophoresis、21(9):1700-1706 (2000)；Huangら、Pac Symp Biocomput、230-241 (2000)；Saqiら、Bioinformatics、15(6):521-522 (1999)；及び、Barton、Acta Crystallogr D Biol Grystallogr、54:1139-1146 (1998)を参照のこと。

40

#### 【0058】

アミノ酸配列の文脈において用語「機能的に同等である」は、当該技術分野において公知であり、及びアミノ酸側鎖置換基の相対的類似性を基にしている。Henikoff及びHenikoff、Adv Protein Chem、54:73-97 (2000)を参照のこと。考察のための関連因子は、側鎖

50



の疎水性、親水性、電荷及びサイズを含む。例えば、アルギニン、リシン、及びヒスチジンは全て正帯電した残基であり；アラニン、グリシン、及びセリンは全て、同様のサイズであり；並びに、フェニルアラニン、トリプトファン、及びチロシンは全て、概して同様の形状である。この分析により、以下により詳細に説明されるように、アルギニン、リシン及びヒスチジン；アラニン、グリシン、及びセリン；並びに、フェニルアラニン、トリプトファン、及びチロシン；は、本願明細書において、生物学的機能が同等であるとして定義されている。

#### 【0059】

生物学的機能が同等であるアミノ酸置換の作成において、アミノ酸の疎水親水度指数を考慮することができる。各アミノ酸には、それらの疎水性及び帯電特性を基に、疎水親水度指数が割当てられており、これらは：イソロイシン(+4.5)；バリン(+4.2)；ロイシン(+3.8)；フェニルアラニン(+2.8)；システイン(+2.5)；メチオニン(+1.9)；アラニン(+1.8)；グリシン(-0.4)；トレオニン(-0.7)；セリン(-0.8)；トリプトファン(-0.9)；チロシン(-1.3)；プロリン(-1.6)；ヒスチジン(-3.2)；グルタミン酸(-3.5)；グルタミン(-3.5)；アスパラギン酸(-3.5)；アスパラギン(-3.5)；リシン(-3.9)；及び、アルギニン(-4.5)である。

#### 【0060】

タンパク質に対し双方向型の生物学的機能を付与するアミノ酸疎水親水度指数の重要性は、当該技術分野において一般に理解されている(Kyteら、J Mol Biol、157:105 (1982))。ある種のアミノ酸は、同様の疎水親水度指数又はスコアを有する他のアミノ酸と置換され、かつ依然同様の生物学的活性を維持することはわかっている。疎水性親水性指標を基に変化が生じることにおいて、疎水親水度指数が当初の値の±2以内であるアミノ酸の置換が好ましく、当初の値の±1以内であるものが特に好ましく、及び当初の値の±0.5以内であるものがなお一層特に好ましい。

#### 【0061】

当該技術分野において、アミノ酸のような置換は、親水性を基に効果的に行うことができることも理解されている。米国特許第4,554,101号は、タンパク質の最大の局所的平均親水性は、その隣接アミノ酸の親水性により支配されるので、これはその免疫原性及び抗原性と、例えば、タンパク質の生物学的特性と、相関していることを開示している。アミノ酸は、同様の親水値を有する別のものと置換することができ、依然生物学的に同等であるタンパク質を得ることが理解されている。

#### 【0062】

米国特許第4,554,101号に開示されたように、下記の親水値が、アミノ酸残基に割当てられている：アルギニン(+3.0)；リシン(+3.0)；アスパラギン酸(+3.0±1)；グルタミン酸(+3.0±1)；セリン(+0.3)；アスパラギン(+0.2)；グルタミン(+0.2)；グリシン(0)；トレオニン(-0.4)；プロリン(-0.5±1)；アラニン(-0.5)；ヒスチジン(-0.5)；システイン(-1.0)；メチオニン(-1.3)；バリン(-1.5)；ロイシン(-1.8)；イソロイシン(-1.8)；チロシン(-2.3)；フェニルアラニン(-2.5)；トリプトファン(-3.4)。

同様の親水値を基に変化が生じる場合、その親水値が当初の値の±2以内であるアミノ酸の置換が好ましく、当初の値の±1以内であるものが特に好ましく、当初の値の±0.5以内であるものが更により特に好ましい。

#### 【0063】

本発明は、GPCRポリペプチド断片又はGPCRポリペプチドの機能的部分も包含している。このような機能的部分は、未変性のGPCR遺伝子産物のアミノ酸配列の全て又は実質的に全てを含む必要はない。用語「機能的」は、免疫原性を含むGPCRの生物学的活性又は特徴を含む。

#### 【0064】

本発明は、GPCRポリペプチドのより長い配列、又はそれらの一部も含む。例えば、1種又は複数のアミノ酸は、GPCRポリペプチドのN-末端又はC-末端に添加することができる。GPCRポリペプチド配列を含む融合タンパク質も、本発明の範囲内で提供される。このよう

なタンパク質の調製法は当該技術分野において公知である。

【0065】

本発明は、GPCRポリペプチドの機能的アナログも包含している。機能的アナログは、GPCRポリペプチドと少なくとも1種の生物学的機能を共有している。例証的機能は免疫原性である。本願明細書で使用されるように、アミノ酸配列の文脈において、生物学的に機能性のアナログは、ある種のアミノ酸であるが、しかしほとんど又は全てではないアミノ酸が置換されているペプチドである。機能的アナログは、対応する核酸分子のレベルで、このような配列を望ましいアミノ酸変化をコードするように変更することで、作出することができる。ひとつの態様において、変化は、ポリペプチドの生物学的機能を改善するため、例えばポリペプチドの抗原性を改善するために導入することができる。別の態様において、GPCRポリペプチド配列は、変異体GPCRポリペプチドの活性を評価するために変動される。

10

【0066】

本発明は、明らかにされたGPCRポリペプチドの組換え的作出も包含している。簡単に述べると、GPCRポリペプチドをコードしている核酸配列、又はそれらの一部を、発現カセットへクローニングし、このカセットを、宿主生物へ導入し、そこでこれが組換え的に作出される。

【0067】

本願明細書において使用される用語「発現カセット」は、適当な宿主細胞において特定のヌクレオチド配列の発現を指示することが可能なDNA配列を意味し、終結シグナルに機能的に連結された関心のあるヌクレオチド配列に機能的に連結されたプロモーターを含む。典型的には、ヌクレオチド配列の適切な翻訳に必要な配列も含む。関心のあるヌクレオチド配列を含む発現カセットは、キメラであることができる。この発現カセットは、天然のものであることができるが、異種発現に有用な組換え型で得ることもできる。

20

【0068】

発現カセットにおけるヌクレオチド配列の発現は、宿主細胞がいくつかの特定の外部刺激に曝された場合にのみ転写を開始する構成的プロモーター又は誘導的プロモーターの制御下であることができる。例証的プロモーターは、シミアンウイルス40初期プロモーター、レトロウイルス由来の長い縦列配列(LTR)(long terminal repeat)プロモーター、actionプロモーター、熱ショックプロモーター、及びメタロチオネインタンパク質である。多細胞生物の場合、プロモーター及びプロモーター領域は、特定の組織もしくは臓器又は発達段階へ発現を指示することができる。使用することができる適当な発現ベクターは、下記のベクター又はそれらの誘導体を含むが、これらに限定されるものではない：ワクシニアウイルス又はアデノウイルス、バキュロウイルスなどの、ウイルスのベクター、酵母ベクター、バクテリオファージベクター(例えば入ファージ)、プラスミド及びコスミドDNAベクター、並びにトランスポゾン-媒介型形質転換ベクター。

30

【0069】

本願明細書において使用される用語「宿主細胞」は、その中に異種核酸分子が導入される細胞を意味する。形質転換された細胞、組織、又は生物は、形質転換プロセスの最終生成物のみではなく、それらのトランスジェニック後代も包含すると理解される。

40

【0070】

宿主細胞株は、挿入された配列の発現を変調するか、又は望ましい特定の様式で遺伝子産物を修飾及びプロセッシングするものが選択される。例えば様々な宿主細胞が、翻訳及び翻訳後プロセッシング及び修飾に関する特徴的及び特異的機構を有する(例えば、タンパク質のグリコシル化、リン酸化)。適当な細胞株又は宿主システムを、発現された外来タンパク質の望ましい修飾及びプロセッシングを確実にするために選択することができる。細菌システムにおける発現を用い、グリコシル化されないコアタンパク質産物を作成することができる。酵母における発現は、グリコシル化された産物を作成するであろう。昆虫細胞における発現を用い、異種タンパク質の「固有の」グリコシル化を確実にすることができる。

50

## 【0071】

発現構築体は、電気穿孔、リン酸カルシウム沈降、DEAEデキストラントランスフェクション、リポソーム-媒介型トランスフェクション、トランスポゾン-媒介型形質転換及びレトロウイルスを用いる感染を含む、いずれか標準の方法で宿主細胞へトランスフェクションされる。発現構築体中に保持されるGPCR-コードしているヌクレオチド配列は、宿主ゲノムへ安定して組込むことができ、又はこれは染色体外分子として存在することができる。

## 【0072】

単離されたポリペプチド及び組換えにより作出されたポリペプチドは、当業者に公知の様々な標準技術を用い、精製及び特徴決定することができる。例えば、Ausubelら、「Current Protocols in Molecular Biology」(1992)、John Wiley & Sons社、ニューヨーク、NY；Bodanszkyら、「Peptide Synthesis」(1976)、John Wiley and Sons社、第2版、ニューヨーク、NY；並びに、Zimmerら、「Peptides」(1993)、393-394頁、ESCOM Science Publishers、B. V.社を参照のこと。

## 【0073】

I.C. ヌクレオチド及びアミノ酸配列比較

2種又はそれよりも多いヌクレオチド又はポリペプチド配列の文脈において、用語「同一」又は%「同一性」は、本願明細書に説明された配列比較アルゴリズムのひとつを用いるか又は目視による検査により測定し、最大の対応となるように比較及び並置した場合に、同じであるか、又は同じであるアミノ酸残基もしくはヌクレオチドを特定の%で有するような、2種又はそれよりも多い配列又は部分配列を意味する。

## 【0074】

ヌクレオチド又はポリペプチド配列に関して用語「実質的に同一」とは、特定の配列が1種又は複数の欠失、置換又は付加により天然の配列のその配列から変動し、その正味の作用は、天然の遺伝子、遺伝子産物、又は配列の生物学的活性の少なくとも一部が維持されることを意味する。このような配列は、「変異体」配列、又は生物学的活性はある程度変更されたが当初の生物学的活性の少なくとも一部は維持されているような配列を含む。本願明細書において使用される用語「天然の」とは、人工的に作出されることと区別して自然状態において認めることができる組成物を説明するために使用される。例えば、自然状態の給源から単離され及び実験室において人工的に意図的に修飾されていないような、生物に存在するタンパク質又はヌクレオチド配列は、天然である。

## 【0075】

配列比較に関して、典型的にはひとつの配列が、それと被験配列が比較される参照配列として働く。配列比較アルゴリズムを使用する場合、被験及び参照配列は、コンピュータプログラムへエントリーされ、部分配列座標(coordinate)が、必要ならば指定され、かつ配列アルゴリズムプログラムのパラメータが選択される。その後配列比較アルゴリズムは、指定された被験配列(複数)について、参照配列に対し、選択されたプログラムパラメータを基に、%配列同一性を計算する。

## 【0076】

配列比較のための最適アラインメントを、例えばSmith及びWaterman、Adv Appl Math、2:482 (1981)のローカルホモロジーアルゴリズムにより、Needleman及びWunsch、J Mol Biol 48:443 (1970)のホモロジーアラインメントアルゴリズムにより、Pearson及びLipman、Proc Natl Acad Sci USA、85:2444-2448 (1988)の類似性検索法により、これらのアルゴリズム(GAP、BESTFIT、FASTA、及びTFASTA、これらはWisconsin Genetics Software Package、Genetics Computer Group、マジソン、WIに含まれる)のコンピュータによる実行により、又は目視による検査により行うことができる。全般的には、Ausubelら、「Current Protocols in Molecular Biology」、(1992)、John Wiley & Sons社、ニューヨーク、NYを参照のこと。

## 【0077】

%配列同一性及び配列類似性を決定するための好ましいアルゴリズムは、BLASTアルゴ

リズムであり、これはAltschulら、J Mol Biol、215:403-410 (1990)に説明されている。BLAST解析のためのソフトウェアは、米国立医学図書館生物学情報センター(NCBI)から、公に入手可能である(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)。このアルゴリズムは、最初に問合せ配列において長さWの短いワードを確定することにより高スコア配列対(HSP)を確定することに関与しており、これは、データベース配列中の同じ長さのワードを並置した場合に、いくつかの正值の閾値スコアTを一致するか又は満足する。Tは、隣接ワードスコア閾値と称される。これらの最初の隣接ワードヒットは、それらを含むより長いHSPを見つけ出すために検索を開始するための種として作用する。次にワードヒットは、累積(cumulative)アラインメントスコアが増大し得る限りは、各配列に沿い両方向に伸長される。累積スコアは、ヌクレオチド配列については、パラメータM(マッチする残基対に関するリワードスコア；常に>0)及びN(ミスマッチ残基に関するペナルティスコア；常に<0)を用いて算出される。アミノ酸配列について、スコアマトリックスを用い、累積スコアを算出する。各方向のワードヒットの伸長は、累積アラインメントスコアが、その最大到達値から量Xだけ低下した場合に中断され、この累積スコアは、1個又は複数の負の-スコア化残基アラインメントの蓄積、又はいずれかの配列末端に到達したために、ゼロ以下になる。BLASTアルゴリズムパラメータW、T、及びXは、アラインメントの感度及び速度を決定する。BLASTNプログラム(ヌクレオチド配列について)は、デフォルトとして、ワードレングスW=11、期待値E=10、カットオフ100、M=5、N=-4、及び両鎖の比較を使用する。アミノ酸配列に関して、BLASTPプログラムは、デフォルトとして、ワードレングス(W)3、期待値(E)10、及びBLOSUM62スコアマトリックスを使用する。Henikoff及びHenikoff、Proc Natl Acad Sci USA、89:10915 (1989)参照のこと。

#### 【0078】

BLASTアルゴリズムは、%配列同一性の計算に加え、ふたつの配列間の類似性の統計解析も行う。例えばKarlin及びAltschul、Proc Natl Acad Sci USA、90:5873-5887 (1993)参照。BLASTアルゴリズムにより提供された類似性のひとつの測定は、最小和尤度(P(N))であり、これはふたつのヌクレオチド配列又はアミノ酸配列間のマッチが偶然生じる尤度の指標を提供する。例えば、試験核酸配列の参照核酸配列との比較において最小和尤度が、約0.1未満、より好ましくは約0.01未満、及び最も好ましくは約0.001未満である場合に、試験核酸配列は参照配列に類似しているとみなされる。

#### 【0079】

##### I.D. 抗体

本発明の昆虫GPCRポリペプチドに特異的に結合する抗体も提供される。用語「抗体」は、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体、Fab断片、及びFab発現ライブラリーを含む、免疫グロブリンタンパク質、又はそれらの機能的部分を意味する。「機能的部分」は、関心のある分子に結合するタンパク質の一部を意味する。好ましい態様において、本発明の抗体は、モノクローナル抗体である。抗体を調製及び特徴決定する技術は、当該技術分野において公知である。例えば、Harlow及びLane、「Antibodies: A Laboratory Manual」、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NY、(1988)参照のこと。本発明のモノクローナル抗体は、米国特許第4,196,265号に開示されたハイブリドーマ技術、及び米国特許第5,260,203号に開示されたファージディスプレイ技術のような、周知の技術を使用することにより容易に調製することができる。

#### 【0080】

語句「抗体への特異的(又は選択的)結合」もしくは「特異的(又は選択的)免疫反応性」は、タンパク質又はペプチドについて言及される場合、タンパク質及び他の生物学的材料の異種集団内のタンパク質の存在を決定する結合反応を意味する。従って指定されたイムノアッセイ条件下で、指定された抗体は、特定のタンパク質と結合し、かつ試料中に存在する他のタンパク質との有意な結合を示さない。このような条件下での抗体への特異的結合は、特定のタンパク質に関するその特異性を基に選択される抗体を必要とすることができる。例えば、本発明の核酸配列のいずれかによりコードされたアミノ酸配列を伴うタン

パク質に対し生じた抗体は、そのタンパク質と特異的に免疫反応性であり及び無関係のタンパク質とはそうでない抗体を得るために選択することができる。

#### 【0081】

抗体、特にモノクローナル抗体、より詳細には単鎖モノクローナル抗体を作出するための分子クローニング法の使用も提供される。単鎖抗体の作成は、当該技術分野において説明されている。例えば、米国特許第5,260,203号を参照のこと。この方法について、コンビナトリアル免疫グロブリンファージミドライブラリーが、免疫処置した動物の脾臓から単離されたRNAから調製され、並びに適当な抗体を発現しているファージミドは、そのポリペプチドを発現している組織上にパンニングすることにより選択される。この方法の従来のハイブリドーマ技術に勝る利点は、およそ $10^4$ 倍と多くの抗体を、1回のラウンドで作成及びスクリーニングすることができ、並びに新規特異性が、単鎖の重鎖(H)及び軽鎖(L)の組合せにより作成され、これは更に適当な抗体を見つける機会を増加することである。従って、本発明の抗体、又は本発明の抗体の「誘導體」は、本願明細書に説明された抗体の可変領域の軽鎖及び重鎖凝集体の結合特異性及び親和性と実質的に同一の結合特異性及び親和性を有する単独のポリペプチド鎖結合分子に関する。

10

#### 【0082】

本願明細書において使用される用語「免疫化学反応」は、特定のタンパク質に特異的に結合した抗体を検出するために使用される様々なイムノアッセイ様式のいずれかを意味し、これはラジオイムノアッセイ、ELISA(固相酵素免疫測定)、「サンドイッチ」イムノアッセイ、イムノラジオメトリックアッセイ、ゲル拡散沈降反応、免疫拡散アッセイ、in situイムノアッセイ(例えば、コロイド状金、酵素又は放射性同位元素標識を使用する)、ウェスタンブロット分析、沈降反応、凝集アッセイ(例えば、ゲル凝集アッセイ、赤血球凝集アッセイ)、補体固定アッセイ、免疫蛍光アッセイ、プロテインAアッセイ、及び免疫電気泳動アッセイなどのような技術を使用する競合的及び非-競合的アッセイシステムを含むが、これらに限定されるものではない。免疫アッセイの様式及び条件の説明については、Harlow及びLane、「Antibodies: A Laboratory Manual」、(1988)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NYを参照のこと。

20

#### 【0083】

##### I.E. 変調化合物

用語「アゴニスト」は、本願明細書を通じ、本発明の受容体のいずれかの活性を増大するペプチド又は非-ペプチジル化合物を示すように使用される。用語「アンタゴニスト」は、本願明細書を通じ、本発明の受容体のいずれかの活性を低下するペプチド又は非-ペプチジル化合物を示すように使用される。

30

#### 【0084】

##### I.F. トランスジェニック生物

本発明の核酸配列を含む導入遺伝子を発現するためにトランスジェニック生物を調製することも本発明の範囲内である。用語「トランスジェニック生物」は、異種核酸の生殖細胞系挿入断片を含む生物を示す。トランスジェニック生物は、動物又は植物であることができる。本発明のトランスジェニック生物は、形質転換法の最終産物のみではなく、それらのトランスジェニック後代も包含することが理解される。

40

#### 【0085】

本願明細書において使用される用語「導入遺伝子」は、宿主細胞に形質転換されている異種核酸分子を意味する。トランスジェニック生物の作出における意図された使用について、導入遺伝子は、相同的組換え事象を媒介するために導入遺伝子組込みの選択された遺伝子座又は部位に、宿主生物のゲノム配列を含むことができる。導入遺伝子は更に、例えば、各々本願明細書に先に定義したような、遺伝子座内に存在する遺伝子の標的化された修飾、レポーター遺伝子、又は発現カセットなどの、関心のある核酸配列を含む。

#### 【0086】

##### II. Gタンパク質共役型受容体

##### II.A. 保存された特徴

50

GPCRは、配列相同性を基に5種の異なるクラスに小分類することができ、かつそれらのリガンドに従い命名される(www.gpcr.org参照)。クラスA GPCRは、時に「ロドプシン様」受容体と称され、これは、特にドパミン及びオクトパミンなどのアミン受容体、ペプチド受容体、ロドプシン、嗅覚受容体及びヌクレオチド-様受容体を含む。クラスB GPCRは、「セクレチン」様として知られており、カルシトニン、利尿ホルモン及びセクレチンの受容体、更にはその他のものを含む。ラトロフィリン及びメトセラも、クラスB受容体である。クラスC受容体又は「代謝共役型グルタミン酸／フェロモン」群は、代謝共役型グルタミン酸受容体、細胞外カルシウム感受性受容体、及びGAGA-B受容体を含む。クラスD及びEは、はるかに小さく、各々、「真菌フェロモン」及び「CAMP受容体」群である。

【0087】

10

## II.B. 新規昆虫Gタンパク質共役型受容体の同定

本発明は、新規ショウジョウバエ、タバコガ(Heliothis)及びスズメガ(Manduca)のGPCR核酸及びポリペプチド配列を提供する。好ましくは、本発明のショウジョウバエ、タバコガ又はスズメガGPCR核酸分子は、配列番号：1-119の奇数番号配列のいずれかひとつに示された配列；又は、配列番号：1-119の奇数番号配列のいずれかひとつと実質的に同一である核酸分子を含む。同じく好ましくは、本発明のGPCRポリペプチドは、配列番号：2-120の偶数番号配列のいずれかひとつに示されたアミノ酸配列；又は、配列番号：2-120の偶数番号配列のいずれかひとつと実質的に同一であるポリペプチドを含む。

【0088】

新規ショウジョウバエタンパク質を同定するために、予測タンパク質のデータベース(本願明細書において「GeneMarkデータベース」と称す)は、GeneMarkプログラム(Borodovsky及びMcIninch, Computers & Chemistry, 17:123-133 (1993))、及びCelera社(ロックビル, MD)が作成した鋳型50キロベースのゲノム配列スカフォールドを用い集成した。別のタンパク質推定プログラムを用いCelera社により作成された第二の予測タンパク質データベースも、使用した(本願明細書において「Celeraデータベース」と称す)。

20

【0089】

クラスAの全ての亜-範疇を表わしている脊椎動物(ヒト又はマウスのいずれか)由来の11種のクラスA GPCRを、GeneMarkデータベース及びCeleraデータベースのBLAST検索に使用した。12種のクラスB及び2種のクラスC GPCRも、同じデータベースのBLAST検索に使用した。BLAST検索の結果を検証し、及びGPCRであると推定されたタンパク質を同定した。次に細胞質ループ2(cytoplasmic loop two)の高度に保存された領域を用い、クラスA及びクラスBについて隠れマルコフモデル(HMM)プロファイルを作成し、このプロファイルHMMを用い、GeneMark及びCeleraデータベースに問い合わせし、脊椎動物ホモログを有さないショウジョウバエGPCRを同定した。各新規ショウジョウバエGPCRに関するGeneMark及びCeleraタンパク質予測は、GenBankの非-重複(redundant)セットに対してBLASTED検索を行った。より低いE-値スコアによる予測を同定し、クローニングをベースにした予測であると判断した。

30

【0090】

引き続き、対応する遺伝子を、実施例2に説明されたようにクローニングした。

新規ショウジョウバエGPCR配列は、表2に示した最も密接に関連したGPCRに従い命名した。

40

【0091】

表2：新規ショウジョウバエGタンパク質共役型受容体のBLAST解析

【表 3】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼            | 最適Blastヒット<br>(受託番号)                                         | スコア<br>(bits) | E値       | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|-------------------|--------------------------------------------------------------|---------------|----------|------------------|------------------|
| 1-2        | Adenosine_99E1    | A27デノシン受容体-<br>モルモット (I48095)                                | 207           | 2.00E-52 | 118/321<br>(36%) | 177/321<br>(54%) |
| 3-4        | Allatostatin_3E1  | ガラニン受容体-ショウジョウバエ (AF220216)                                  | 656           | 0        | 327/394<br>(82%) | 327/394<br>(82%) |
| 5-6        | Gastrin_2C3       | トラハロース受容体1-ショウジョウバエ (AB034204)                               | 224           | 2.00E-57 | 128/358<br>(35%) | 193/358<br>(53%) |
| 7-8        | wormlike_4F9      | 7回膜貫通受容体,<br>ロブシン型ファミリー-マンバ<br>-ファミリー-マンバ-線虫<br>(NP510455.2) | 171           | 2.00E-41 | 105/323<br>32%   | 163/323<br>49%   |
| 9-10       | Dopamine_6D7      | ドーパミン受容体D1D-<br>ニワトリ (C55886)                                | 132           | 1E-29    | 108/338<br>31%   | 163/338<br>47%   |
| 11-12      | Lymnokinin_11D9   | Gタンパク質共役型受容<br>体106-ハツカチスミ<br>(NP536716.1)                   | 349           | 9.00E-95 | 237/697<br>(34%) | 346/697<br>(49%) |
| 13-14      | mrhlike1_15A      | GPCR-D. yakuba<br>(AF300421)                                 | 137           | 3.00E-31 | 102/383<br>(26%) | 175/383<br>(45%) |
| 15-16      | gastrin_17E3      | コレリチキンB/ガストリン<br>受容体マウス (P56481)                             | 186           | 4.00E-46 | 125/390<br>(32%) | 175/390<br>(44%) |
| 17-18      | CCK-X_26A1        | 恐らくアトラスチン受容<br>体-2-ショウジョウバエ<br>(JC7319)                      | 103           | 4.00E-21 | 54/189<br>(28%)  | 95/189<br>(49%)  |
| 19-20      | neuroYY_26B1      | ニューロペプチドY/ペプチ<br>ドYY受容体Yc-D.<br>rerio (AF037401)             | 60.8          | 3.00E-08 | 39/114<br>(34%)  | 65/114<br>(56%)  |
| 21-22      | GRHR_27A2         | GRHR-P1-ショウジョウバエ<br>(NM 058039)                              | 802           | 0.00E+01 | 404/443<br>(91%) | 404/443<br>(91%) |
| 23-24      | Bombesin_42A10    | BRS4ホソバシ受容体-<br>ショウセンヌガイル<br>(P47751)                        | 186           | 7.00E-46 | 119/327<br>(36%) | 172/327<br>(52%) |
| 25-26      | Latrophillin_44D4 | ラトロフィリン-3-ウシ<br>(T18405)                                     | 246           | 1.00E-63 | 198/756<br>(26%) | 326/756<br>(42%) |
| 27-28      | wormlike_47E      | 仮説タンパク質F57B7.1<br>-C. elegans (T22835)                       | 164           | 2.00E-39 | 111/358<br>(31%) | 182/358<br>(50%) |
| 29-30      | Calcitonin_49F9   | カルシトニン受容体様-ヒト<br>(XM002673)                                  | 272           | 8.00E-72 | 148/371<br>(39%) | 209/371<br>(55%) |

10

20

30

40

【表 4】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼            | 最適Blastヒット<br>(受託番号)                                   | スコア<br>(bits) | E値        | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|-------------------|--------------------------------------------------------|---------------|-----------|------------------|------------------|
| 31-32      | DiureticHor2_51A1 | 利尿ホルモン受容体-<br>Acheta (Q16983)                          | 352           | 1E-95     | 184/386<br>(47%) | 239/386<br>(61%) |
| 33-34      | methlike3_54B16   | メセリン-D. yakuba<br>(AF280583)                           | 605           | 1.00E-172 | 294/512<br>(57%) | 377/512<br>(73%) |
| 35-36      | bombesin_54D4     | ホモンペプチン/ガストリン放出<br>ペプチド受容体-マウス<br>(A39003)             | 207           | 2.00E-52  | 126/352<br>(35%) | 192/352<br>(53%) |
| 37-38      | 5-HT1A_56A        | 5-ヒドロキシトリプトファン受<br>容体2A-ショウジョウバエ<br>(S19155)           | 1254          | 0.00E+01  | 648/816<br>(79%) | 651/816<br>(79%) |
| 39-40      | mAcR-60C          | ムスカリン様アセチルコリン<br>受容体-ショウジョウバエ<br>(S05661)              | 1205          | 0.00E+01  | 607/788<br>(77%) | 607/788<br>(77%) |
| 41-42      | Adrenergic_60D1   | 微量アミン受容体1-ラット<br>(AF380186)                            | 76.6          | 8.00E-13  | 46/174<br>(26%)  | 84/174<br>(47%)  |
| 43-44      | methlike9_61C     | GPCR-キイロショウジョウバエ<br>(AF300364)                         | 159           | 5.00E-38  | 107/431<br>(24%) | 193/431<br>(43%) |
| 45-46      | methlike10_61C1   | GPCR-キイロショウジョウバエ<br>(AF300364)                         | 1009          | 0         | 493/533<br>(92%) | 500/533<br>(93%) |
| 47-48      | wormlike_62       | 仮説タンパク質F57B7.1<br>-線虫 (T22835)                         | 173           | 5.00E-42  | 121/409<br>(29%) | 188/409<br>(45%) |
| 49-50      | wormlike_63A3     | 仮説タンパク質T19F4.1<br>b-線虫 (U55371)                        | 138           | 2.00E-31  | 89/275<br>(32%)  | 143/275<br>(51%) |
| 51-52      | adrenergic_64A    | 仮説タンパク質F59D12.<br>1-線虫 (T22996)                        | 189           | 4.00E-47  | 105/309<br>(33%) | 175/309<br>(55%) |
| 53-54      | lymnokinin_64D3   | CG10626-PA<br>[キイロショウジョウバエ]<br>(NP647968.2)            | 1011          | 0         | 501/540<br>(92%) | 501/540<br>(92%) |
| 55-56      | methlike2_64D4    | メセリン-オナモミショウジョウ<br>バエ (AH280597)                       | 630           | 1.00E-180 | 299/501<br>(59%) | 366/501<br>(72%) |
| 57-58      | GRHR_69B          | 推定コリチン受容体<br>[キイロショウジョウバエ]<br>(AAN10045.1)             | 1055          | 0         | 532/579<br>(91%) | 534/579<br>(91%) |
| 59-60      | somatostatin_75C1 | アトスタチンC/トモスタチンC<br>受容体1 [キイロショウジョウ<br>バエ] (AAG54080.1) | 785           | 0         | 394/467<br>(84%) | 394/467<br>(84%) |
| 61-62      | NeuroYlike_77A1   | 推定ニューロペプチド<br>受容体NPR1-ジアルジフ<br>(AF329279)              | 210           | 3.00E-53  | 126/356<br>(35%) | 174/356<br>(48%) |

10

20

30

40



【表 5】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼             | 最適Blastヒット<br>(受託番号)                   | スコア<br>(bits) | E値        | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|--------------------|----------------------------------------|---------------|-----------|------------------|------------------|
| 63-64      | Secretagogue_79A   | ニューロジニン受容体型2-マウス (AY057384)            | 200           | 3.00E-50  | 116/328<br>(35%) | 188/328<br>(56%) |
| 65-66      | 5-HT2_82C4         | セロトニン受容体5-HT2-ショウジョウバエ (X81835)        | 1338          | 0.00E+01  | 682/868<br>(78%) | 683/868<br>(78%) |
| 67-68      | NeuroYYlike_83     | ニューロペプチドF受容体-ショウジョウバエ (AF364400)       | 874           | 0.00E+01  | 442/481<br>(91%) | 443/481<br>(91%) |
| 69-70      | mAcChR_84E8        | Gタンパク質-連結セロトニン受容体GAR-2c-線虫 (AF272738)  | 200           | 7.00E-50  | 98/193<br>(50%)  | 133/193<br>(68%) |
| 71-72      | Takr-86C_86C3      | タキニン受容体NKD-ショウジョウバエ (A41783)           | 987           | 0.00E+01  | 492/504<br>(97%) | 493/504<br>(97%) |
| 73-74      | methlike5_87A      | メタセロチン-ショウジョウバエ (AF280601)             | 72            | 1.00E-11  | 57/251<br>(22%)  | 111/251<br>(43%) |
| 75-76      | GrowthHormone_87F1 | 推定PRX7ミト受容体 [キロショウジョウバエ] (AAN 10043.1) | 986           | 0         | 508/595<br>(85%) | 508/595<br>(85%) |
| 77-78      | neurotensin_88B1   | 推定PRX7ミト受容体 [キロショウジョウバエ] (AAN 10044.1) | 783           | 0         | 400/430<br>(93%) | 400/430<br>(93%) |
| 79-80      | DopR_88B1          | ドーパミン受容体タンパク質1-ショウジョウバエ (P41596)       | 912           | 0.00E+01  | 453/511<br>(88%) | 454/511<br>(88%) |
| 81-82      | Octopamine_90C2    | 推定オクトパミン受容体-ヨトガ (AF343378)             | 114           | 3.00E-24  | 66/187<br>(35%)  | 94/187<br>(49%)  |
| 83-84      | FSHlike_96E5       | Gタンパク質共役型受容体が作用する睾丸下垂-ヒト (NP 570718.1) | 365           | 2E-99     | 240/720<br>(33%) | 366/720<br>(50%) |
| 85-86      | Histamine_97B      | ヒスタミンH2受容体-イヌ (A39008)                 | 52            | 2.00E-05  | 38/117<br>(32%)  | 50/117<br>(42%)  |
| 87-88      | NeuropepYR_97E1    | ニューロペプチドY受容体-ショウジョウバエ (A41738)         | 931           | 0.00E+01  | 445/449<br>(99%) | 447/449<br>(99%) |
| 89-90      | Galanin_98E2       | ガラニンGPCR-ショウジョウバエ (AF253526)           | 600           | 1.00E-171 | 308/357<br>(86%) | 308/357<br>(86%) |
| 91-92      | Takr-99D_99D1      | タキニン受容体耗損-DTKR-ショウジョウバエ (S17783)       | 919           | 0.00E+01  | 452/519<br>(87%) | 453/519<br>(87%) |
| 93-94      | 5-HT7_100A2        | 5HT-ドーパミン受容体-ショウジョウバエ (M55533)         | 885           | 0.00E+01  | 454/564<br>(80%) | 454/564<br>(80%) |

10

20

30

40

【表 6】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼             | 最適Blastヒット<br>(受託番号)                                                                                               | スコア<br>(bits) | E値       | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|--------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|----------|------------------|------------------|
| 95-96      | He6Receptor_100B1  | Me6受容体ス <sup>ラ</sup> ライシ <sup>ン</sup> グ <sup>変種</sup> d3-ハツカス <sup>ミ</sup><br>(AAN33059.1)                         | 104           | 7E-21    | 107/439<br>(24%) | 179/439<br>(40%) |
| 97-98      | Fsh_90c2           | FSH-TSH[キ <sup>ロ</sup> シ <sup>ョウ</sup> ジ <sup>ョウ</sup> バ <sup>エ</sup> ]<br>(AAB07030.1)                            | 1590          | 0        | 787/831<br>94%   | 787/831<br>94%   |
| 99-100     | He6rec2_100b2      | HE6 7ヘリックス受容体<br>ス <sup>ラ</sup> ライシ <sup>ン</sup> グ <sup>変種</sup> 23-ヒト<br>(AAN38974.1)                             | 80.5          | 1.00E-13 | 104/482<br>21%   | 178/482<br>36%   |
| 101-102    | Prostaglandin_74f1 | プロスタ <sup>グ</sup> ランジ <sup>ン</sup> 受容体1(垂型EP1)<br>42kDa;<br>プロスタ <sup>グ</sup> ランジ <sup>ン</sup> 受容体<br>(NP000946.1) | 62.4          | 1.00E-08 | 61/255<br>23%    | 102/255<br>39%   |
| 103-104    | Oct-TyrR_79D1      | チ <sup>リ</sup> ミン受容体-fruit<br>fly(シ <sup>ョウ</sup> ジ <sup>ョウ</sup> バ <sup>エ</sup> 種)<br>(S12004)                    | 977           | 0        | 498/601<br>82%   | 499/601<br>82%   |

10

20

## 【0092】

## I.C. タバコガGタンパク質共役型受容体の同定

オオタバコガ(*Heliothis virescens*)(以後「タバコガ(*Heliothis*)」と称す)GPCR配列は、実施例3に説明したように、ショウジョウバエGPCR配列に従いデザインされた縮重プライマーを用いるPCRにより得た。この方法に由来したタバコガGPCR断片は、重複する配列の認識により集成した。タバコガGPCRは、最も密接に関連した昆虫GPCRを基に命名した(表3)。

## 【0093】

表3：タバコガGPCRのBLAST結果

【表 7】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼          | 最適Blastヒット<br>(受託番号)              | スコア<br>(bits) | E値        | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|-----------------|-----------------------------------|---------------|-----------|------------------|------------------|
| 105-106    | Heliothis Oct2B | GPCR-Balanus<br>ampitrite(Q93126) | 407           | 1.00E-112 | 217/446<br>(48%) | 272/446<br>(60%) |

30

40

## 【0094】

II.D. タバコスズメガ(*Manduca Sexta*)GPCRの同定

本願明細書に説明された利尿ホルモンGPCRの核酸及びタンパク質を、J.D. Reaganの論文(J. Biol. Chem., 269(1):9-12 (1994))により、同定し及びクローニングした(GenBank 寄託番号U03489、以後両方共参照として組込まれる)。BLAST結果は、下記表4に示した。

## 【0095】

表4：スズメガGPCRのBLAST解析

【表 8】

| SEQ ID NO. | 発明者の称呼      | 最適Blastヒット<br>(受託番号)               | スコア<br>(bits) | E値        | 同一性              | ポジティブ            |
|------------|-------------|------------------------------------|---------------|-----------|------------------|------------------|
| 107-108    | Manduca DHR | GPCR-Balanus<br>ampitrite (Q93126) | 364           | 1.00E-100 | 187/379<br>(49%) | 237/379<br>(62%) |

## 【0096】

10

## III. Gタンパク質共役型受容体の機能分析

多くの害虫が、幼虫期の摂食活動により、植物への損傷を加害する。従って、幼虫発生期のGPCR変調に関連した表現型を評価するための機能分析を用い、候補殺虫剤標的を同定することができる。本発明は、その調節が幼虫生存度に関連しているGPCRを明らかにしている。従って、以下に説明された遺伝子操作から生じる変化に類似した方法でGPCR活性を変更するモジュレーターは、殺虫剤組成物として有用であることができる。

## 【0097】

## III.A. 機能喪失分析

RNA-干渉(RNAi)は、多くの生物の遺伝子機能を決定するために最近発見された方法であり、ここで二本鎖RNA(dsRNA)は、遺伝子-特異的、転写後サイレンシングを示す。例えば、Kuwabara及びOlson、Parasitol Today、16(8):347-349 (2000)；Bass、Cell、101(3):235-238 (2000)；Hunter、Curr Biol、10(4):R137-140 (2000)；Bosher及びLabouesse、Nat Cell Biol、2(2):E31-36 (2000)；Sharp、Genes Dev、13(2):139-141 (1999)参照。二本鎖RNA分子は、in vitro合成することができ、次に注入又は他の方法により生物へ導入される。あるいは、二回転対称を示す遺伝可能な(heritable)導入遺伝子は、ヘアピン構造のように折り畳まれる転写産物を提供する。ショウジョウバエにおいてdsRNAiを用い遺伝子機能を試験する方法は、実施例4に明らかにされており、更に、Kennerdell及びCarthew、Nat Biotech、18(8):896-898 (2000)；Lam及びThummel、Curr Biol、10(16):957-963 (2000)；Misquitta及びPaterson、Proc Natl Acad Sci USA、96(4):1451-1456 (1999)に記されている。

20

30

## 【0098】

本発明は、ショウジョウバエGPCRのRNA-干渉を明らかにしている。実施例4に説明されたように、各GPCR配列に相補的である二本鎖RNAは、in vitroにおいて合成され、ショウジョウバエ初期胚へ注入される。注入された胚の発生は、下記表5に示したような、スコア化により評価した：(a)光学顕微鏡を用いる形態学的判定基準(Cameos-Ortega及びHartenstein、「The Embryonic Development of Drosophila melanogaster」(1985)、Springer-Verlag、ベルリン)、(b)幼虫へ孵化している胚、(c)蛹殻形成、及び(d)成虫ハエとしての蛹の羽化。緩衝液-注入胚は、対照として平行して注入し及びモニタリングした。成体期まで生存しているdsRNAが注入された胚の割合(%)を、表5に示した。

40

## 【0099】

表5.：dsRNAi分析の結果

【表 9】

| 注入したdsRNA             | 注入した卵数 | 形態学的発生を示している卵数 | 孵化胚数 | 蛹数  | 成虫数 | 発生した卵からの成虫の生存率(%) |
|-----------------------|--------|----------------|------|-----|-----|-------------------|
| なし、緩衝液のみ              | 941    | 806            | 580  | 500 | 433 | 0.53722           |
| ds-latrophilin 44d4   | 178    | 142            | 106  | 45  | 35  | 0.2464788         |
| Ds-5-HT2 82C4         | 186    | 153            | 56   | 46  | 39  | 0.2549019         |
| Ds-adenosine 99E1     | 169    | 136            | 70   | 49  | 37  | 0.2720588         |
| ds-mth-like 10 61C1   | 208    | 175            | 92   | 68  | 58  | 0.3314285         |
| ds-takr 99D 99D1      | 697    | 599            | 332  | 234 | 218 | 0.363939          |
| mAcR 60C              | 104    | 92             | 48   | 37  | 34  | 0.3695652         |
| ds-dopr 88B1          | 108    | 80             | 44   | 37  | 30  | 0.375             |
| ds-npep YY-like 83    | 112    | 96             | 66   | 44  | 40  | 0.4166666         |
| ds-takr86c 86C3       | 107    | 91             | 61   | 44  | 38  | 0.4175824         |
| ds-gastrin 17e3       | 107    | 93             | 61   | 43  | 39  | 0.4193548         |
| ds-mthlike1 15a       | 107    | 96             | 62   | 48  | 41  | 0.4270833         |
| ds-gastrin 2c3        | 219    | 185            | 104  | 95  | 81  | 0.4378378         |
| ds-wormlike (47E)     | 125    | 111            | 84   | 63  | 49  | 0.4414414         |
| 5-HT7 100A2           | 95     | 79             | 48   | 36  | 35  | 0.4430379         |
| ds-mAcChR 84e         | 109    | 94             | 69   | 49  | 42  | 0.4468085         |
| ds-histamine 97B      | 100    | 84             | 58   | 47  | 38  | 0.4523809         |
| ds-mth-like 9 61C     | 107    | 91             | 56   | 44  | 43  | 0.4725274         |
| ds-adren 64a          | 172    | 154            | 115  | 87  | 74  | 0.4805194         |
| ds-fshlike 96e5       | 100    | 91             | 63   | 48  | 44  | 0.4835164         |
| ds-allatostatin 3E1   | 195    | 156            | 104  | 81  | 78  | 0.5               |
| ds-lymnokinin 64D     | 191    | 155            | 116  | 92  | 78  | 0.5032258         |
| ds-cck-x 26a1         | 298    | 249            | 158  | 133 | 126 | 0.506024          |
| ds-bombesin 42a10     | 78     | 67             | 48   | 37  | 34  | 0.5074626         |
| ds-lymnokinin 11d9    | 106    | 92             | 66   | 53  | 49  | 0.5326086         |
| ds-5-HT1a56a          | 104    | 95             | 73   | 56  | 51  | 0.5368421         |
| ds-galanin 98e2       | 93     | 86             | 59   | 55  | 47  | 0.5465116         |
| ds-he6 receptor 100B1 | 94     | 84             | 64   | 52  | 46  | 0.5476190         |
| ds-mthlike3 54b16     | 109    | 103            | 75   | 63  | 58  | 0.5631067         |
| ds-npep Y-like 77a    | 191    | 164            | 109  | 103 | 93  | 0.5670731         |
| ds-grhr 27a2          | 114    | 105            | 79   | 63  | 60  | 0.5714285         |
| ds-mthlike5 87a       | 102    | 94             | 68   | 60  | 56  | 0.5957446         |
| Ds-neurotensin 88B1   | 113    | 85             | 58   | 58  | 51  | 0.6               |
| ds-octopamine 90C2    | 100    | 85             | 67   | 60  | 51  | 0.6               |
| ds-wormlike 62        | 99     | 91             | 66   | 57  | 55  | 0.6043956         |
| ds-bombesin 54d4      | 95     | 81             | 60   | 51  | 49  | 0.6049382         |
| ds-adrenergic 60d1    | 105    | 97             | 77   | 64  | 59  | 0.6082474         |
| ds-wormlike 63a3      | 103    | 94             | 82   | 62  | 60  | 0.6382978         |
| ds-npep YY26b1        | 124    | 108            | 77   | 74  | 69  | 0.6388888         |
| ds-octopamine 90c2    | 101    | 81             | 68   | 54  | 54  | 0.6666666         |
| ds-calcitonin 49f9    | 106    | 93             | 79   | 64  | 63  | 0.6774193         |
| ds-neuropep yr 97e1   | 104    | 97             | 84   | 74  | 66  | 0.6804123         |
| ds-secretagogue 79a   | 103    | 96             | 76   | 71  | 67  | 0.6979166         |
| ds-wormlike 4f9       | 110    | 100            | 83   | 72  | 70  | 0.7               |
| ds-diureticor2 51a1   | 113    | 105            | 83   | 76  | 74  | 0.7047619         |
| ds-somatostatin 75c1  | 95     | 82             | 70   | 66  | 59  | 0.7195121         |
| ds-grhr 69b           | 92     | 80             | 69   | 62  | 59  | 0.7375            |
| ds-mthlike2 64d4      | 99     | 86             | 77   | 67  | 65  | 0.7558139         |
| ds-dopamine 6d7       | 109    | 103            | 86   | 84  | 79  | 0.7669902         |

【0100】

GPCR機能喪失により生じる致死性は、所定の受容体と特異的に結合するアンタゴニスト物質の供給により模倣されていると推定される。GPCRアンタゴニストは、当該技術分野において公知の方法により同定され、本発明の以下の見出し「昆虫GPCRモジュレーターの同定」に更に説明されている。GPCR、特に本願明細書において最初に説明されているラトロ

10

20

30

40

50

フィリンの不可欠性は、GPCR及びラトロフィリンの殺虫剤としての活性をブロック又は緩和するアンタゴニストの利用性を同定している。

#### 【0101】

#### III.B. 機能獲得分析

古典的機能喪失遺伝が直接的でない場合に、異所性発現システムを用い、遺伝子機能が解明されている。例えば、非筋肉性ミオシンII調節軽鎖をコードしているソウメンウリ (*spaghetti squash*) の熱で誘導された発現は、ソウメンウリ変異体の初期致死性を効果的に救済することができ、発生後期の表現型の分析を促進する (Edwards及びKiehart、Development、122:1499 (1996))。同様に、関心のある遺伝子の過剰発現により作出されたドミナントな表現型を用い、特に遺伝子変異が胚性致死性を生じる場合に、後胚遺伝子機能に対処する。例えばLamら、Dev Biol、212(1):204-216 (1999)；Woodardら、Cell、79(4):607-615 (1994)を参照のこと。

10

#### 【0102】

ショウジョウバエにおける異所性発現のためのトランスジェニック法は、関心のある遺伝子の構成的又は調節された発現のいずれかを駆動するプロモーターを利用する。異所性発現のためにデザインされた構築体は、形質転換ベクターにおいて調製することができ、及び生殖系列形質転換によりハエゲノムに導入される。トランスジェニック系列が確立され、及び関心のある遺伝子の異所性発現を、野生型又は変異型遺伝子バックグラウンドにおいて分析することができる。

#### 【0103】

ひとつの態様において、熱ショックプロモーターを用い、時間的に遺伝子発現を調節する (Lisら、Cell、35:403 (1983)；Struhl、Nature、318:677 (1985)；Schneuwlyら、Nature、325:816 (1987))。この方法を使用し、異所性遺伝子発現のレベルは、熱処理の温度及び／又は期間を変更することにより、容易に変調することができる。別の態様において、遺伝子発現は、本質的にBrand及びPerrimonの論文 (Development、118:401 (1993)) に記されている、GAL4-UASシステムにより、時間的又は空間的に調節してもよい。

20

#### 【0104】

GPCRの過剰発現は、活性化されたGPCRの役割を明らかにすることができる。リガンド及び／又はアポ-受容体 (リガンドに結合されていない受容体) の供給は、リガンド化された受容体の形成にとって好ましい。同様に、過剰なGPCR過剰発現の供給も、活性受容体の過剰につながる。例えば、Tsaiらの著書、Wilsonら編集、「Williams Textbook of Endocrinology」(1998)、55-94頁、W.B. Saunders社、フィラデルフィア、PAを参照し、これは本願明細書に参照として組入れられている。この状況を *in vivo* において作出するために、GPCRは、異種導入遺伝子を用いて過剰発現される。この戦略は、リガンドは依然同定されていないオーファンGPCRの機能的評価を可能にする。GPCR過剰発現後に認められた表現型は、内因性リガンドの異常に上昇したレベルにより、又はGPCRアゴニストの投与によっても作成されると予想される。

30

#### 【0105】

#### III.C. GPCRの発現パターン分析

遺伝子が発現されている特定の細胞の同定は、機能の決定及びその遺伝子の殺虫剤標的としての認識を助ける。幼虫の成虫原基又は成体動物において唯一機能を有する脳視葉のような、幼虫成長又は生存に必要な組織は、必須でない組織よりも、より良い殺虫剤作用部位を示している。

40

#### 【0106】

GPCRの組織特異的発現は、mRNA転写産物の局在化の試験、又はその後のタンパク質それ自身の発現の試験のいずれかにより決定される。どの組織において遺伝子転写産物が発現されているかを決定するために、多くの方法が当該技術分野において利用可能であり、これは以下を含むが、これらに限定されるものではない：逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (rtPCR)、ノーザンブロット及び *in situ* ハイブリダイゼーション。同様にタンパク質局在化法は、当該技術分野において公知であり、かつこれはウェスタンブロット又は免疫細胞学を

50

含むが、これらに限定されるものではない。

#### 【0107】

本発明は、in situハイブリダイゼーションにより、昆虫GPCRの発現パターンを開示している。野生型キイロショウジョウバエ(Orer系)の胚及び移動する(wandering)3齢幼虫が、in situハイブリダイゼーションのためにプロセッシングされる。胚は、Berleley Drosophila Genome Projectのウェブサイト(<http://www.fruitfly.org/about/methods/RNAinsitu.html>)に認められる手法に従いプロセッシングされる。幼虫は、切断され、及び胚と同じ方法でプロセッシングされる。各遺伝子の標識されたアンチセンス鎖を表わすハイブリダイゼーションプローブが作成され使用される。ハイブリダイゼーション後、結合したプローブは、比色基質により同定される。そのシグナルの位置は更に、化合物顕微鏡試験のため

10

#### 【0108】

#### IV. 昆虫Gタンパク質共役型受容体の組換え発現

宿主生物における本発明のタンパク質の組換え産生に関し、このタンパク質をコードしているヌクレオチド配列は、選択された宿主のためにデザインされた発現カセットに挿入され、及びそこで組換え的に産生される宿主に導入される。選択された宿主にとって適切なプロモーター、シグナル配列、5'及び3'非翻訳配列、並びにエンハンサーのような、特異的調節配列の選択は、当該技術分野の通常の技術レベル以内である。適当なリーディングフレームに連結している個別の要素を含む得られる分子は、宿主細胞への形質転換が可能

20

#### 【0109】

発現構築体は、選択された宿主にとって適した標準の方法により、宿主細胞へトランスフェクションすることができ、これは電気穿孔、リン酸カルシウム沈降、DEAE-デキストラントランスフェクション、リポソーム-媒介したトランスフェクション、レトロウイルスを用いる感染、トランスポゾン-媒介した転移、及び遺伝子銃技術を含む。発現構築体内に保持される発現カセット配列は、安定して宿主ゲノムへ組込まれるか、又はこれは染色体外分子として存在することができる。

#### 【0110】

タンパク質の組換え産生に関する適当な発現ベクター及び方法は、大腸菌、酵母、及び昆虫細胞などの宿主生物について知られている。例えば、Lucknow及びSummers、Bio/Technology、6:47 (1988)を参照のこと。大腸菌における昆虫GPCR組換え産生の代表的な方法は、実施例6に明らかにされている。

30

#### 【0111】

追加の適当な発現ベクターは、バキュロウイルス発現ベクター、例えば、Autographica californica核多角体病ウイルス(AcMNPV)のゲノム由来のものがある。好ましいバキュロウイルス/昆虫システムは、PVL1392/PVL1393であり、線状Autographica californicaバキュロウイルスDNA(Pharmin社、サンディエゴ、CA)の存在下での、Spodoptera frugiperda (SF9)細胞のトランスフェクションのために使用される。得られるウイルスは、HighFive Tricoplusia ni細胞(Invitrogen社、カールスバッド、CA)を感染するために使用される。昆虫細胞における昆虫GPCRの組換え作成の代表的な方法は、実施例7に明らかにされている。

40

#### 【0112】

組換え的に産生されたタンパク質は、様々な標準的技術を用い、単離及び精製することができる。使用される実際の技術は、使用される宿主生物、そのタンパク質が分泌されるようにデザインされるかどうか、及びその他のそのような要因によって変動する。このような技術は、当業者に公知である。Ausubelらの、「Current Protocols in Molecular Biology」、(1992)、John Wiley and Sons社、ニューヨーク、NYを参照のこと。

本発明は更に、本願明細書における以下の見出し「トランスジェニック植物」に更に説明されているような、植物における、明らかにされた昆虫GPCR、又はそれらの一部の組換

50

え発現を包含している。

【0113】

V. 昆虫GPCRタンパク質共役型受容体に対する抗体産生

別の局面において、本発明は、昆虫GPCRポリペプチドに対し免疫反応性である抗体を産生する方法を提供し、この方法は、抗原として使用される昆虫GPCRポリペプチド又はその一部を組換え又は合成により作成する工程を含む。昆虫GPCRポリペプチドは、効果的免疫原として使用することができるように、配合される。動物は、配合された昆虫GPCRポリペプチドで免疫処置され、動物における免疫応答を生じる。この免疫応答は、動物の血清から収集することができる抗体の産生により特徴づけられる。任意に、昆虫GPCR抗体を産生する細胞は、メラノーマ細胞と融合することができ、これによりモノクローナル抗体が選択される。昆虫GPCRタンパク質を認識するモノクローナル抗体を産生する例証的方法は、当業者が入手できる標準の実験プロトコルマニュアルに記載されている。この方法の好ましい態様は、配列番号：2-120の偶数番号配列のいずれかひとつとして示されたポリペプチドを使用する。

10

【0114】

本発明は更に、本願明細書に説明したような抗体及びモノクローナル抗体を産生する細胞株も包含している。

前述の抗体を、本発明の昆虫GPCRポリペプチド配列の局在化及び活性に関連している、当該技術分野において公知の方法、例えば、昆虫GPCR核酸のクローニング、昆虫GPCRポリペプチドの免疫精製、生物学的試料中の昆虫GPCRポリペプチドの作像、及び適当な生物学的試料中のそれらのレベルの測定などにおいて使用することができる。

20

【0115】

VI. 昆虫受容体核酸の検出法

本発明の別の局面において、昆虫GPCRポリペプチドをコードしている核酸分子を検出する方法が提供される。このような方法を用い、昆虫GPCR遺伝子変種及び関連した耐性遺伝子配列を検出することができる。明らかにされた方法は、遺伝子型タイピング、クローニング、遺伝子マッピング、及び遺伝子発現試験を促進する。

【0116】

本発明の核酸を用い、明らかにされた配列を含む遺伝子及びゲノムDNAをクローニングすることができる。あるいは本発明の核酸を用い、関連した配列を含む遺伝子及びゲノムDNAを、好ましくは害虫及び線虫におけるGPCR遺伝子をクローニングすることができる。本願明細書において明らかにされた核酸配列を使用するこのような方法は、当業者に公知である。例えばSambrookら編集の「Molecular Cloning」、(1989)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NYを参照のこと。代表的方法は、実施例2及び3にも明らかにされている。好ましくは、この方法で使用される核酸は、配列番号：1-107の奇数番号配列のいずれかひとつとして示された配列を含む。

30

【0117】

ひとつの態様において、本発明の核酸分子を基にした遺伝アッセイを用い、多くのPCRベースの技術により、遺伝的変種をスクリーニングすることができ、これは一本鎖コンホメーション多型(SSCP)分析(Oritaら、Proc Natl Acad Sci USA、86(8):2766-2770 (1989))、SSCP/ヘテロ二重鎖分析、酵素ミスマッチ切断、増幅されたエキソンの直接配列分析(Kestilaら、Mol Cell、1(4):575-582 (1998); Yuanら、Hum Mutat、14(5):440-446 (1999))、アレル特異的ハイブリダイゼーション(Stonekingら、Am J Hum Genet、48(2):370-82 (1991))、及び特異的変異を含む増幅されたゲノムDNAの制限分析などがある。自動化された方法も、一塩基多型の大規模特徴決定に適用することができる(Brookes、Gene、234(2):177-186 (1999); Wangら、Science、280(5366):1077-1082 (1998))。好ましい検出法は、非-電気泳動的であり、例えば、TaqMan(商標)対立遺伝子差別アッセイ、PCR-OLA、分子ビーコン、パドロック(padlock)プローブ、及びウェル蛍光がある。Landegrenら、Genome Res、8:769-776 (1998)参照。

40

【0118】

50

## VII. 昆虫Gタンパク質共役型受容体ポリペプチドの検出法

本発明の別の局面において、昆虫GPCRポリペプチドを特異的に認識する抗体又はその一部を使用し、昆虫GPCRポリペプチドのレベルを検出する方法が提供される。好ましい態様において、実験対象及び対照対象由来の生物学的試料を得、並びに各試料において昆虫GPCRポリペプチドが、昆虫GPCR抗体との免疫反応により検出される。より好ましくは、この抗体は、配列番号：2-120の偶数番号配列のいずれかひとつのアミノ酸を認識し；及び、このような抗体を作出する本発明の方法に従い調製される。

### 【0119】

ひとつの態様において、昆虫GPCR抗体を使用し、生物学的試料が、昆虫GPCRポリペプチドの存在についてスクリーニングされる。スクリーニングされる生物学的試料は、細胞外もしくは細胞内液体のような生物学的液体、又は細胞もしくは組織の抽出液もしくはホモジネートであることができる。生物学的試料は、単離された細胞(例えば、培養物中)又はそのような細胞の集合体、例えば組織試料もしくは組織学的試料中などであることもできる。組織試料は、液体培地中に浮遊するか、又は顕微鏡用スライドのような固形支持体上に固定することができる。スクリーニングアッセイ法に従い、生物学的試料は、その存在がアッセイされる昆虫GPCRポリペプチドと免疫反応性である抗体に曝露され、抗体-ポリペプチド複合体の形成が検出される。そのような抗体-抗原接合体又は複合体の検出技術は、当該技術分野において公知であり、遠心、アフィニティークロマトグラフィーなど、並びに標識された二次抗体の抗体-候補受容体複合体への結合を含むが、これらに限定されるものではない。

### 【0120】

昆虫モジュレーターに対し特異的結合を示しているモジュレーターも、昆虫GPCRを検出するために使用することができる。特異的結合をアッセイするための代表的技術は、見出し「昆虫GPCRモジュレーターの同定」で本願明細書において先に説明されている。

明らかにされた昆虫GPCRポリペプチドの検出法は、特定の昆虫GPCRポリペプチドを標的化する殺虫剤に対する増強された耐性のような、特定の条件に関連している遺伝子発現の変更されたレベルを決定するために有用であることもできる。

### 【0121】

## VIII. GPCRモジュレーターの同定

本発明は更に、昆虫GPCRを変調する化合物を同定する方法を明らかにしている。本願明細書において使用される用語「候補物質」及び「候補化合物」は、互換的に使用され、他の部分と相互作用し、そこで生物学的活性が変調されると考えられる物質を意味する。例えば、代表的候補化合物は、昆虫GPCRポリペプチド又はそれらの断片と相互作用すると考えられ、引き続きそのような相互作用について評価することができる。本発明の方法を用いて調べることができる候補化合物の例は、ウイルスエピトープ、ペプチド、酵素、酵素基質、補因子、レクチン、糖質、オリゴヌクレオチド又は核酸、オリゴ糖、タンパク質、化合物、小分子、及び抗体を含むが、これらに限定されるものではない。試験される候補化合物は、精製された分子、均質な試料、又は分子もしくは化合物の混合物であることができる。

### 【0122】

本願明細書において使用される用語「変調」は、野生型昆虫GPCRポリペプチド、好ましくは配列番号：2-108の偶数番号のいずれかひとつの昆虫GPCRポリペプチドの、化学的及び生物学的活性又は特性のいずれか又は全ての増加、減少、又はその他の変化を意味する。好ましくは、昆虫GPCRモジュレーターは、昆虫GPCRタンパク質活性のアゴニストである。

### 【0123】

本発明に従い、前述の方法に頼る迅速及び高処理能のスクリーニング法も提供されている。このスクリーニング法は、各化合物が複数の実質的に同一の標的分子と個別に接触することを含む。このようなスクリーニング法において、複数の標的分子は、好ましくは約 $10^4$ 種よりも多い試料を含み、より好ましくは約 $5 \times 10^4$ 種よりも多い試料を含む。別の高処

10

20

30

40

50



理能戦略において、各標的分子は、複数の候補化合物と接触することができる。

#### 【0124】

ひとつの態様において、昆虫GPCRのモジュレーターを同定するために明らかにされた方法は、配列番号：2-108の偶数番号のいずれかひとつに示されたGPCR配列を用いて行われる。特に、ラトロフィリン機能が破壊された場合に認められる機能喪失致死性は、ラトロフィリンのアンタゴニストが殺虫剤として有用であり得ることを示唆している。

#### 【0125】

昆虫GPCRのモジュレーターを同定するための明らかにされた方法は、有害生物由来の核酸配列を用いて行うことができる。本願明細書において明らかにされたGPCR配列は、有害種において相同配列を同定する方法を提供する。このような技術は、当業者に周知である。例えば、Sambrookら編集「Molecular Cloning」、(1989)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、コールドスプリングハーバー、NY、並びに下記実施例2及び3を参照のこと。

10

好ましい態様において、モジュレーターを同定するために明らかにされた方法は、Heliothis オクトパミンGPCRポリペプチドを使用する。

#### 【0126】

昆虫GPCRに結合し、これにより変調する物質を同定する代表的方法は、本願明細書において以下に明らかにされている。用語「結合」は、ふたつの分子間、例えば、リガンド及び受容体の間の親和性を意味する。本願明細書において使用されるように、「結合」は、分子の混合物中のひとつの分子の他のものへの優先的結合を意味する。分子の結合は、結合親和性が約 $1 \times 10^4 \text{ M}^{-1}$ ～約 $1 \times 10^6 \text{ M}^{-1}$ 又はそれよりも大きい場合に、特異的であると考えることができる。ふたつの分子の結合は、ひとつのタンパク質又は化合物の他のタンパク質に対する活性が阻害(アンタゴニストの場合)又は増強(アゴニストの場合)されるような、相互作用の質又は状態も包含している。GPCRリガンド結合ドメインへの、このような方法により同定された候補化合物の飽和可能な結合を明らかにするために、例えば、Makら、J Biol Chem、264:21613:21618 (1989)に記されたようなスキッチャード解析が実行される。

20

#### 【0127】

#### VIII.A. タンパク質結合アッセイ

いくつかの技術を用い、in vivoリガンドを使用することなく、タンパク質及び化学リガンドの間の相互作用を検出することができる。代表的方法は、本願明細書において以下に説明されたような、蛍光相関分光法(FCS)、表面増強レーザー脱離/イオン化飛行時間(SELDI-TOF)分光法、及びビアコア法を含むが、これらに限定されるものではない。これらの方法は、自動化された高処理能スクリーニングに適合させやすい。

30

#### 【0128】

蛍光相関分光法(FCS)は、少量の試料中の蛍光分子の平均拡散速度を測定する(Madgeら、Phys Rev Lett、29:705-708 (1972); Maitiら、Proc Natl Acad Sci USA、94:11753-11757 (1997))。この試料サイズは、 $10^3$ 個の蛍光分子と少ないことができ、かつ試料容量は、1個の細菌の細胞質と同じくらい少ないことができる。拡散速度は、この分子の質量の関数であり、質量が増加すると減少する。従ってFCSは、質量の変化を測定し、結果的に結合時の分子の拡散速度を測定することにより、ポリペプチド-リガンド相互作用分析に適用することができる。典型的実験において、分析されるべき標的は、N-末端又はC-末端に挿入された、ポリ-ヒスチジン配列のような、配列タグを伴う組換えポリペプチドとして発現される。この発現は、大腸菌、酵母又は哺乳類細胞において生じる。このポリペプチドは、クロマトグラフィー法を用いて精製される。例えば、ポリ-ヒスチジンタグを用い、発現されたポリペプチドを、イミノ二酢酸アガロース上に $\text{Ni}^{2+}$ がキレートされたような、金属キレートカラムに結合することができる。その後このポリペプチドは、カルボキシテトラメチルローダミン又はBODIPY(商標)(Molecular Probes社、ユージーン、OR)のような、蛍光タグにより標識される。次にポリペプチドは、可能性のあるリガンドに溶液中で曝露され、その拡散速度が、Carl Zeiss社(ソーンウッド、NY)から入手できる装置を

40

50

用い、FCSにより決定される。リガンド結合は、ポリペプチドの拡散速度の変化により決定される。

#### 【0129】

表面増強レーザー脱離／イオン化(SELDI)は、Hutchens及びYipにより開発された(Rapid Commun Mass Spectrom、7:576-580 (1993))。SELDIは、飛行時間型質量分析(TOF)と組合せた場合、チップ上に保持された分子を迅速に分析する技術を提供する。これは、チップ上の標的タンパク質又はそれらの一部の共有結合、並びにこのタンパク質に結合している小タンパク質のMSによる分析により、リガンド-タンパク質相互作用分析に適用することができる(Worrallら、Anal Biochem、70:750-756 (1998))。典型的実験において、分析されるべき標的は、FCSについて説明されたように発現される。その後精製されたタンパク質は、更に調製することなくこのアッセイにおいて使用される。これは、ポリヒスチジンタグの利用、又はイオン交換もしくは疎水性相互作用のような他の相互作用のいずれかにより、SELDIチップに結合される。次にこうして調製されたチップは、例えば連続法でリガンドをピペッティングすることができるような送達システム(自動試料採取器)を介して、可能性のあるリガンドに、曝露される。このチップはその後、ストリンジェンシーが増加する溶液、例えば、増大するイオン強度を含む緩衝溶液を伴う一連の洗浄液で洗浄される。各洗浄後、結合した材料は、このチップをSELDI-TOFに提示することにより分析される。この標的に特異的に結合するリガンドは、それらを溶離するのに必要な洗浄のストリンジェンシーにより同定される。

10

#### 【0130】

ピアコアは、リガンドの、層上に固定された標的ポリペプチドへの結合時の表面層の屈折率の変化に頼っている。このシステムにおいて、小さいリガンドの収集は、2~5 $\mu$ lの細胞中に連続して注入され、ここで標的ポリペプチドは、細胞内に固定される。結合は、表面プラズモン共鳴(SPR)により、表面からのレーザー光屈折を記録することにより、検出される。一般に、表面層での質量濃度の所定の変化による屈折率変化は、実践的に全てのタンパク質及びペプチドについて同じであり、このことは単独の方法を、あらゆるタンパク質に適用可能にしている(Liedbergら、Sensors Actuators、4:299-304 (1983)；Malmquist、Nature、361:186-187 (1993))。典型的実験において、分析されるべき標的は、FCSについて説明されたように発現される。その後精製されたタンパク質が、更に調製せずにこのアッセイにおいて使用される。これは、ポリ-ヒスチジンタグの利用、又はイオン交換もしくは疎水性相互作用のようなその他の相互作用のいずれかにより、ピアコアチップに結合される。こうして調製されたチップは、その後可能性のあるリガンドに、リガンドを連続法でピペッティングするための、Biacore社(ウプスラ、スウェーデン)から販売された装置(自動試料採取装置)に組込まれた送達システムを介して曝露される。チップ上のSPRシグナルは記録され、及び屈折率の変化は、不動化された標的とリガンドの間の相互作用を示す。オンレート及びオフレートの(on rate and off rate)シグナル速度論の分析は、非特異的相互作用と特異的相互作用を識別することができる。

20

30

#### 【0131】

#### VIII.B. ペプチド相互作用アッセイ

多様なペプチドライブラリーを展示する方法は、標的分子に対するリガンドの迅速なライブラリー構築、増幅、及び選択を可能にする。Lowman、Annu Rev Biophys Biomol. Struct、26:401-424 (1997)；Sidhu、Curr Opin Biotech、11(6):610-616 (2000)；及び、米国特許第5,510,240号を参照のこと。GPCRと不可欠な補因子の間の相互作用を破壊することが可能なペプチドを選択するアッセイも使用することができ、これらは、Hallら、Mol Endocrinol、14(12):2010-2023 (2000)；Northropら、Mol Endocrinol、14(5):605-622 (2000)；国際公開公報第00/37077号に説明されており、これらは本願明細書に参照として組入れられている。

40

#### 【0132】

#### VIII.C. 転写アッセイ

本発明は、昆虫GPCR転写活性化のモジュレーターを同定する方法も提供する。ひとつの

50

戦略は、以下を含む発現システムを利用する：(1)昆虫GPCRの機能的リガンド結合ドメインを含む、昆虫GPCR、(2)レポーター遺伝子に機能的に連結されたGPCRにより調節された応答要素を含む、標的遺伝子発現カセット、及び(3)被験化合物。GPCR遺伝子及び標的遺伝子発現カセットを構築する方法は、本願明細書において以下に見出し「誘導性遺伝子発現のためのキメラ受容体」に説明されている。同じく、Wentworthら、J Endocrinol、166(3):R11-16 (2000)；Yang及びChen、Cancer Res、59(18):4519-4524 (1999)；及び、米国特許第4,981,784号を参照し、これらは本願明細書に参照として組入れられている。

#### 【0133】

用語「レポーター遺伝子」は、容易に観察及び／又は定量される生成物をコードしている異種遺伝子を意味する。レポーター遺伝子は、意図された宿主細胞に対して異物である給源を起源とする点、又は同じ給源に由来する場合には、その当初の形から修飾されている点において異種である。いずれか適当なレポーター及び検出方法を、明らかにされた方法において使用することができる。転写調節領域に機能的に連結され得る検出可能なレポーター遺伝子の限定的でない例は、Alam及びCook、Anal Biochem、188:245-254 (1990)、及び国際公開公報第97/47763号に見ることができる。転写分析にとって好ましいレポーター遺伝子は、lacZ遺伝子(例えば、Rose及びBotstein、Meth Enzymol、101:167-180 (1983))、緑色蛍光タンパク質(GFP)(Cubittら、Trends Biochem Sci、20:448-455 (1995))、ルシフェラーゼ、又はクロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ(CAT)を含む。

10

#### 【0134】

レポーター遺伝子の量は、定性的に、又は好ましくは定量的にレポーター遺伝子産物の存在又は活性を決定することにより、アッセイすることができる。各被験物質により示されたレポーター遺伝子発現の量は、被験物質非存在下でのレポーター遺伝子発現の量と比較される。被験物質は、被験物質非存在下でのレポーター遺伝子発現レベルと比較した場合に、この物質存在下においてレポーター遺伝子発現レベルが有意に増加した場合に、アゴニスト活性を有するとして同定される。本願明細書において使用される用語「有意な増加」は、測定技術に固有の誤差の限界よりも大きい、好ましくは対照測定値に対して約2倍又はそれよりも大きい増加、より好ましくは約5倍又はそれよりも大きい増加、最も好ましくは約10倍又はそれよりも大きい増加である、測定可能な質の定量できる変化を意味する。

20

#### 【0135】

#### VIII.D. 理論的デザイン

未変性のGPCRポリペプチドの構造に関する知識は、理論的農薬デザインの方法を提供している。例えば、Schapiraら、Proc Natl Acad Sci USA、97(3):1008-1013 (2000)を参照のこと。GPCRポリペプチドの構造は、X-線結晶解析学又は三次元表示を作成するコンピュータアルゴリズムにより決定することができる。Huangら、Pac Symp Biocomput、230-41 (2000)；Saqiら、Bioinformatics、15:521-522 (1999)；国際公開公報第99/26966号を参照し、これらは本願明細書に参照として組入れられている。あるいは、GPCR構造のワーキングモデルは、ホモロジーモデリングに由来することができる(Huangら、Acta Pharmacol Sin.、6月号；21(6):529-35 (2000))。コンピュータモデルは更に、合成し及び試験することができる様々な基質分子に対するタンパク質構造の結合を推定することができる。追加の化合物デザイン技術は、米国特許第5,834,228号及び第5,872,011号に開示されている。

30

40

#### 【0136】

#### IX. 有害生物防除法

本発明の別の局面は、昆虫GPCR生物学的活性の変調による有害生物防除法である。そのような活性を有する物質は、本願明細書に開示された方法により発見することができ、及び化合物、抗体、及び植物導入遺伝子によりコードされた遺伝子産物を含むが、これらに限定されるものではない。

本発明は、植物における有害生物の加害の発生又は進行を防止する方法を提供する。この方法は、配列番号：2-120の偶数番号のいずれかひとつに示されたGPCRのモジュレータ

50

ーを投与することを含み、ここでGPCRの変調は、生物の致死性を生じる。好ましくは、この致死性は、幼虫発生期に生じる。

#### 【0137】

#### IX.A. 配合物

本発明の昆虫GPCRモジュレーターは、典型的には、許容できるビヒクル、補助剤、及び望ましいならば担体を用いて配合される。代表的配合物は、乳化可能な濃縮物、水混和性液体、湿潤可能な粉末、水溶性粉末、油性溶液、流動可能な粉末、エアロゾル、蒸気、顆粒、マイクロカプセル、燻蒸剤、超低容量濃縮物 (ultra-low volume concentrate)、煙霧用濃縮物、蒸気、含浸剤、毒餌、及び種子粉衣を含む。例えば、Perryら、「Insecticides in Agriculture and Environment: Retrospects and Prospects」、(1997)、7-10頁、Springer-Verlag社、ニューヨーク、NYを参照のこと。配合物は更に、貯蔵、取扱い、適用、有効性、散布者及び環境への安全性、並びに経費などの、殺虫剤特性を改善するその能力を基に選択することができる。

#### 【0138】

殺虫剤配合物は、更に本発明の昆虫GPCRモジュレーターの活性を増強することができる相乗剤を含むことができる。Yamamoto、「Pyrethrum, The Natural Insecticide」、(1973)、Casida編集、191-170頁、Academic Press社、ニューヨーク、NY; Hodgson及びTate、「Insecticide Biochemistry and Physiology」、(1976)、Wilkinson編集、115-148頁、Plenum Press社、ニューヨーク、NY; Wilkinson、「Proc 2nd Int Congr on Pesticides and Chemistry」、Tahori編集、2:117-159 (1976a)、Gordon & Breach社、ニューヨーク、NY; Wilkinson、「The Future for Insecticides: Needs and Prospects」、Metcalf及びMcKelvey編集、6:191-178 (1976b)、Wiley社、ニューヨーク、NY; Casida及びQuistad、「Pyrethrum Flowers: Production, Chemistry, Toxicology, and Uses」、(1995)、Casida及びQuistad編集、258-276頁、Oxford University Press社、ニューヨーク、NYを参照のこと。あるいは、相乗作用は、昆虫GPCRモジュレーターの適用前の植物の処理によるか、又は昆虫GPCRモジュレーターの適用部位から離れた植物の部位での相乗剤の適用により実現することができる。

#### 【0139】

#### IX.B. In Vivoアッセイ

昆虫GPCRのモジュレーターの殺虫活性は、当該技術分野において標準の技術を用いて試験することができ、これは局所的適用、噴霧、浸漬、接触又は残留物 (residual) 曝露、及び摂食／摂水を含む。例えば、Perryら、「Insecticides in Agriculture and Environment: Retrospects and Prospects」、(1997)、12-13頁、Springer-Verlag社、ニューヨーク、NYを参照のこと。一例として、モジュレーターを含有する配合物が、植物に散布され、次に昆虫の幼虫がこの植物に適用され、その後適当な期間にわたり、幼虫による植物破壊の程度が定量化される。

#### 【0140】

#### IX.C. 用量及び投与

殺虫剤の生物に対する毒性は、被験集団の50%を死滅するのに必要な生物の単位重量当りの化合物の量に関して表現することができ、致死量 (LD<sub>50</sub>) とも称される。LD<sub>50</sub> は、通常体重1kg当りのmg数又は昆虫1匹当りのmg数で表わされる。致死濃度 (LC<sub>50</sub>) は、被験集団の50%を死滅するのに必要である外部媒質中の化合物の濃度であり、媒質中の活性成分 (AI) の100万分率 (ppm) で表わされる。この値は、昆虫に投与された正確な用量が決定できない場合に使用することができる。候補殺虫性物質の有効性は、致死的時間LC<sub>50</sub> に関してアッセイすることもできる。LC<sub>50</sub> は、特定の用量又は濃度で、被験生物の50%死亡率に必要な時間を表わし、及び圃場試験のための適当な測定値である。

#### 【0141】

場合によっては、致死性よりもノックダウン率が、有効性の判定基準として測定される。このような場合、ノックダウン用量 (KD<sub>50</sub>) 又はノックダウン時間 (KT<sub>50</sub>) を、殺虫活性を表わすために使用することができる。

本発明は、殺傷又はノックダウンが望ましい判定基準を構成しない場合の、殺虫性物質の同定も構想している。例としての有用なアッセイは、例えば、発生段階の進行、産卵力、卵の生存度、誘引物質又は忌避物質の活性、麻痺、及び摂食障害活性のような、非-致死測定値を評価することもできる。

#### 【0142】

本発明の方法で同定された昆虫GPCRモジュレーターは、植物又は動物における昆虫加害、及び場合によっては線虫加害を予防又は処理するために有用である。予防法及び処理法は、有効量のこのモジュレーターを使用する。本願明細書において使用される用語「有効量」は、加害を予防又は改善するために有効な量を意味する。

有効量は、量の範囲を含むことができる。当業者は、本発明の昆虫GPCRモジュレーターの効能及び効力を容易に評価し、かつこれに従い投与方式を調節することができる。昆虫GPCR生物学的活性のモジュレーターは、様々な技術、例えば、転写アッセイにおける反応性レポーター遺伝子の使用により、昆虫GPCRポリペプチドのモノクローナル抗体との相互作用のアッセイにより、又はモジュレーターが昆虫へ投与された場合の昆虫生存度のアッセイにより、評価することができ、各技術は本願明細書において説明されている。当業者は、特定の適用のために、組成物で 사용되는特定の配合及び投与法に加え、植物又は動物の種類、植物又は動物の発生段階、及び処理される加害の重症度を考慮し、投与量を調節する(tailor)ことができる。

#### 【0143】

#### IX.D. トランスジェニック植物

本発明は、昆虫GPCRモジュレーターが植物において発現された場合の有害生物防除の方法も包含している。好ましくは、植物において導入遺伝子によりコードされた核酸、ペプチド又はポリペプチドは、配列番号：1-119のいずれかの活性を変調する。ひとつの態様において、導入遺伝子は、本発明の昆虫GPCRに特異的に結合するペプチドをコードすることができる。別の態様において、本発明の昆虫GPCRに特異的に結合する抗体をコードしている構築体は、昆虫防除を付与するために、植物において発現される。例えば米国特許第5,686,600号を参照し、この内容は本願明細書に参照として完全に組み入れられている。トランスジェニック植物の作出法は、当該技術分野において公知であり、以下に更に詳述されている。

#### 【0144】

#### IX.E. 標的生物

本願明細書において明らかにされた方法に従い発見された昆虫GPCRモジュレーターを、有害生物加害の予防又は改善に使用することができる。本願明細書において使用される用語「有害生物」とは、成熟植物、実生、及び貯蔵された穀粒を含む植物を損傷するいずれかの生物を意味する。用語「有害生物」は、動物において疾患を引き起こすいずれかの生物も意味する。本願明細書において明らかにされた組成物及び方法は、アブラムシ、バッタ、クモ、ボールウィービル(boll weevil)、及び貯蔵された穀粒を攻撃する有害生物(例えば、Tribolium及びTenebrio)を含むがこれらに限定されるものではない、有害生物の加害を予防又は処理するために特に有用であることが構想されている。本発明の開示は、Meloidogyneのような土壌線虫及び植物に寄生する線虫の防除法にも関連する。

#### 【0145】

#### XI. トランスジェニック植物

本発明は、植物における昆虫GPCRのモジュレーター、抗体、dsRNA、アンチセンスRNA又はGPCR成分の発現も企図している。双子葉植物及び単子葉植物の形質転換の代表的技術は、本願明細書において以下に説明されている。

本願明細書において使用される語句「植物体、又はそれらの一部」は、植物全体を意味することとし；並びに、種子、葉、茎及び根に加え、植物組織培養物を含むがこれらに限定されるものではない、それらの一部を意味することとする。本発明のトランスジェニック植物は、形質転換法の最終産物のみではなく、それらのトランスジェニック後代も包含するものと理解される。

10

20

30

40

50

## 【0146】

本願明細書において明らかにされたトランスジェニック法において使用することができる代表的植物は、コメ、コムギ、オオムギ、ライムギ、トウモロコシ、ジャガイモ、ニンジン、サツマイモ、テンサイ、ソラ豆、エンドウ豆、チコリ、レタス、キャベツ、カリフラワー、ブロッコリー、カブ、ダイコン、ハウレンソウ、アスパラガス、タマネギ、ニンニク、ナス、コショウ、セロリ、ニンジン、スクワッシュ、カボチャ、ズッキーニ、キュウリ、リンゴ、ナシ、マルメロ、メロン、プラム、サクランボ、モモ、ネクタリン、アプリコット、イチゴ、ブドウ、ラズベリー、ブラックベリー、パイナップル、アボガド、パパイヤ、マンゴ、バナナ、タバコ、トマト、サトウモロコシ及びサトウキビを含むが、これらに限定されるものではない。

10

## 【0147】

## XI.A. プロモーター

植物における昆虫GPCRモジュレーター又はキメラ受容体発現カセットのin vivo作成のために、例証となる構成的プロモーターは、CaMV 35S、コメアクチン、及びトウモロコシユビキチンの遺伝子に由来している。Binetら、Plant Sci、79:87-94 (1991)、Christensenら、Plant Mol Biol、12:619-632 (1989)、Callisら、J Biol Chem、265:12486-12493 (1990)、Norrisら、Plant Mol Biol、21:895-906 (1993)、欧州特許出願第0 342 926号及び第0 392 225号、Taylorら、Plant Cell Rep、12:491-495 (1993)、McElroyら、Plant Cell、2:163-171 (1990)、McElroyら、Mol Gen Genet、231:150-160 (1991)、Chibbarら、Plant Cell Rep、12:506-509 (1993)を参照のこと。本発明での使用に適した代表的誘導性プロモーターは、化学的に誘導されたPR-1プロモーター、PR-1aプロモーター、エタノール-誘導性プロモーター、糖質コルチコイド誘導性プロモーター、及び創傷-誘導性プロモーターを含む。Uknesら、Plant Cell、4:645-656 (1992)、Lebelら、Plant J、16:223-233 (1998)、Caddikら、Nat Biotechnol、16:177-180 (1998)、Aoyama及びChua、The Plant Journal、11:605-612 (1997)、Xuら、Plant Mol Biol、22:573-588 (1993)；Logemannら、Plant Cell、1:151-158 (1989)、Rohrmeier及びLehle、Plant Mol Biol、22:783-792 (1993)、Firekら、Plant Mol Biol、22:129-142 (1993)、及びWarnerら、Plant J、3:191-201 (1993)を参照のこと。選択されたプロモーターは、特異的細胞型(例えば、葉表皮細胞、葉肉細胞、根皮層細胞)又は特異的組織もしくは器官(例えば根、葉又は花)における発現を指示することができる。植物において細胞又は組織-特異的発現を指示し及び本発明に従い使用することができる代表的プロモーターは、根-特異的プロモーター(de F ramond、FEBS、290:103-106 (1991)、米国特許第5,466,785号)、木髄優先(pith-preferred)プロモーター(国際公開公報第93/07278号)、葉-特異的プロモーター(Hudspeth及びGrul a、Plant Mol Biol、12:579-589 (1989))、並びに花粉-特異的プロモーター(国際公開公報第93/07278号)を含むが、これらに限定されるものではない。

20

30

## 【0148】

## XI.B. ベクター

発現カセットは、形質転換に適当なベクターへ、クローニングされる。使用することができる適当な発現ベクターは、下記のベクター又はそれらの誘導体を含むが、これらに限定されるものではない：植物形質転換ベクター、ワクシニアウイルス又はアデノウイルス、バキュロウイルスなどのウイルスのベクター、酵母ベクター、バクテリオファージベクター(例えば、ラムダファージ)、プラスミド及びコスミドDNAベクター、並びに、トランスポゾン-媒介型形質転換ベクター。

40

## 【0149】

植物の形質転換に利用可能な多くのベクターは、植物形質転換の技術分野の業者に公知であり、及び本発明に関する遺伝子は、このようなベクターのいずれかと共に使用することができる。例証的ベクターは、pCIB200、pCIB2001、pCIB10、pCIB3064、pSOG19、及びpSOG35を含む。ベクターの選択は、好ましい形質転換技術及び形質転換のための標的種によって決まる。

## 【0150】

50

多くのベクターは、アグロバクテリウム・ツメファシエンス (*Agrobacterium tumefaciens*) を用い、形質転換のために利用可能である。これらは典型的には、少なくとも1個のT-DNA境界配列を含み、並びにpBIN19 (Bevan, *Nuc Acids Res*, 12:8711-8721 (1984)) 及びpXYZなどのベクターを含む。欧州特許出願第0 332 104号も参照し、これは本願明細書に参照として組入れられている。

#### 【0151】

アグロバクテリウム・ツメファシエンスを使用しない形質転換は、選択された形質転換ベクターにおけるT-DNA配列の必要要件を回避し、及び結果的にこれらの配列を欠いているベクターを、T-DNA配列を含む前述のもののようなベクターに加え、利用することができる。アグロバクテリウムに頼らない形質転換技術は、微粒子銃、プロトプラスト取込み (例えば、電気穿孔)、及び微量注入による形質転換を含む。ベクターの選択は、形質転換される植物種にとって好ましい選択により大きく左右される。

#### 【0152】

ある標的種のために、様々な抗生物質又は除草剤の選択マーカーが好ましい。形質転換において慣習的に使用される選択マーカーは、カナマイシン及び関連抗生物質に対する耐性を付与するnptII遺伝子 (Messing及びVierra, *Gene*, 19:259-268 (1982); Bevanら, *Nature*, 304:184-187 (1983))、除草剤ホスフィノスリシンに対する耐性を付与するbar遺伝子 (Whiteら, *Nuc Acids Res*, 18:1062 (1990)、Spencerら, *Theor Appl Genet*, 79:625-631 (1990))、抗生物質ヒグロマイシンに対する耐性を付与するhph遺伝子 (Blochlinger及びDiggelmann, *Mol Cell Biol*, 4:2929-2931 (1984))、及びメトトレキセートに対する耐性を付与するdhfr遺伝子 (Bourouisら, *EMBO J*, 2(7):1099-1104 (1983))、グリホセートに対する耐性を付与するEPSPS遺伝子 (米国特許第4,940,935号及び第5,188,642号)、並びにマンノース代謝能を提供するマンノース-6-リン酸異性化酵素遺伝子 (米国特許第5,767,378号及び第5,994,629号) を含む。

#### 【0153】

### XI.C. 双子葉植物の形質転換

双子葉植物の形質転換技術は、当該技術分野において公知であり、及びアグロバクテリウム-ベースの技術及びアグロバクテリウムを必要としない技術を含む。非-アグロバクテリウム技術は、プロトプラスト又は細胞による外因性遺伝子材料の取込みに関連している。これは、ポリエチレングリコール (PEG) 電気穿孔、微粒子銃-媒介した取込み、又は微量注入により実現することができる。これらの技術の例は、Paszkowskiら, *EMBO J*, 3:2717-2722 (1984); Potrykusら, *Mol Gen Genet*, 199:169-177 (1985); Reichら, *Biotechnology*, 4:1001-1004 (1986); Kleinら, *Nature*, 327:70-73 (1987); 並びに、米国特許第4,945,050号、第5,036,006号、及び第5,100,792号に説明されている。前述の方法のいずれかを使用し、形質転換された細胞は、当該技術分野において公知の標準技術を用い、植物全体を再生することができる。

#### 【0154】

### XI.D. 単子葉植物の形質転換

ほとんどの単子葉植物種の形質転換は、現在日常的になってきている。好ましい技術は、PEG又は電気穿孔技術を使用するプロトプラストへの直接の遺伝子導入、及び培養組織への微粒子銃を含む。欧州特許出願第0 292 435号、第0 392 225号、及び第0 332 581号; 国際公開公報第93/07278号及び国際公開公報第93/21335号; Gordon-Kammら, *Plant Cell*, 2:603-618 (1990); Frommら, *Biotechnology*, 8:833-839 (1990); Kozielら, *Biotechnology*, 11:194-200 (1993); Zhangら, *Plant Cell Rep*, 7:379-384 (1988); Shimamotoら, *Nature*, 338:274-277 (1989); Dattaら, *Biotechnology*, 8:736-740 (1990); Christouら, *Biotechnology*, 9:957-962 (1991); Vasilら, *Biotechnology*, 10:667-674 (1992); Vasilら, *Biotechnology*, 11:1553-1558 (1993); 及び、Weeksら, *Plant Physiol*, 102:1077-1084 (1993) を参照のこと。より最近になって、単子葉植物のアグロバクテリウムを用いる形質転換が説明されている。国際公開公報第94/00977号及び米国特許第5,591,616号を参照し、これらは両方とも本願明細書に参照として組入れられている。

## 【0155】

XII. 誘導性遺伝子発現の方法

本発明は更に、生物における遺伝子発現を制御する方法も提供し、これは以下の工程を含む：(a)生物を、本発明のキメラ受容体ポリペプチドをコードしている受容体カセットへ機能的に連結された発現を促進することが可能である5'調節領域、及び3'終結領域を含む受容体発現カセットで形質転換する工程；(b)生物を、標的ヌクレオチド配列に機能的に連結された5'調節領域を含む標的発現カセットで形質転換する工程であり、ここで5'調節領域は、Gタンパク質シグナル伝達により調節される1種又は複数の応答要素を含む；(c)このキメラ受容体ポリペプチドを生物において発現する工程；及び、(d)生物を、キメラ受容体ポリペプチドのリガンド結合ドメインに結合する化学リガンドと接触し、これによりキメラ受容体ポリペプチドが、Gタンパク質シグナル伝達経路を介して、標的ヌクレオチド配列の発現を活性化する工程。

## 【0156】

好ましい態様において、説明されたGPCR配列を含むGPCRカセットは、適当な化学リガンドの存在下での、標的ポリペプチドの植物における発現の調節に有用である。例えば、米国特許第5,880,333号は、植物を、核内受容体ポリペプチド及び標的配列をコードしている発現カセットで形質転換することを含む、植物における遺伝子発現を制御する方法を開示している。この方法は、作物学的に重要な様々な特徴を制御するために有用である。

## 【0157】

本発明は、GPCRアンタゴニストRNAを含む植物の作成を提供する。これらのアンタゴニストRNAは、典型的には、アンチセンス配向した遺伝子を含む植物導入遺伝子に又はヘアピン構造を形成するために折畳み能を有するmRNAを作成する導入遺伝子に由来している(Patel及びJacobs-Lorena, Proceedings of the National Academy of Science, 85:9601 (1988)；Zhao及びPick, Nature, 365:448 (1993)；Lam及びThummel, Current Biology, 10:957 (2000))。これらのRNAを含む植物材料を消費する昆虫は、必須のGPCR転写産物レベルが低下するために、生存度が低下する。

## 【0158】

実施例

下記実施例は、本発明の態様を例証するために含まれている。下記実施例のある局面は、本共同発明者により本発明の実践においてうまく作業することが認められるか又は企図されている技術及び手法に関して説明されている。これらの実施例は、共同発明者による標準の実験室での実践を説明している。当業者には、本開示及び当該技術分野の技術の一般的レベルを考慮し、下記実施例は、単に例証することが意図されており、及び本発明の範囲を逸脱しない限りは、多くの変化、修飾及び変更を用いることができることが理解されるであろう。

## 【0159】

実施例1：データベース検索

新規ショウジョウバエタンパク質を同定するために、推定タンパク質データベース(本願明細書において「GeneMarkデータベース」と称す)を、GeneMarkプログラム(Borodovsky及びMcIninch, Computers & Chemistry, 17:123-133 (1993))、及びCelera社(ロックビル、MD)により作成された鋳型50キロベースのゲノム配列スカフォールドを用いて集成した。別のタンパク質推定プログラムを用いCelera社により作成された第二の推定タンパク質データベース(以後「Celeraデータベース」と称す)も、使用した。

## 【0160】

クラスAの全ての亜範疇を表わしている脊椎動物(ヒト又はマウスのいずれか)由来の11種のクラスA GPCRを用い、GeneMarkデータベース及びCeleraデータベースでBLAST検索を行った。12種のクラスB及び2種のクラスC GPCRも、同じデータベースでBLAST検索を行った。BLAST検索の結果を検証し、及び恐らくGPCRであると推定されたタンパク質を同定した。次に細胞質ループ2の高度に保存された領域を用い、HMMER 2.1.1 プログラム(Washington University School of Medicine、セントルイス、MOから入手可能)に従い、クラスA



及びクラスBについて隠れマルコフモデル(HMM)プロファイルを作成した。HMMER 2.1.1 hmbuildパラメータは、最大感度になるよう選択した。プロファイルHMMは更に、このプログラムの指示に従いキャリブレーションした。このプロファイルHMMを用い、GeneMark及びCeleraデータベースを問合せし、脊椎動物ホモログを有さないショウジョウバエGPCRを同定した。各新規ショウジョウバエGPCRに関するGeneMark及びCeleraタンパク質予測は、次に、GenBankの非-重複セットに対して、BLASTED検索を行った。より低いE-値スコアによる予測を同定し、クローニングをベースにした予測であると判断した。

#### 【0161】

##### 実施例2：キイロショウジョウバエGPCR cDNAの単離

ショウジョウバエGPCRのcDNAクローンを、鋳型としてショウジョウバエcDNAプールの第一鎖を用い、PCRによりクローニングした。PCRプライマーは、プライマー3適用(Genome ResearchのためにWhitehead/MIT Center(ケンブリッジ、MA)から入手可能)を用い、各受容体の推定された開始コドン及び停止コドンを含むようにデザインした。増幅産物は、pUNI/V5-His-TOPOベクター又はpCR2.1-TOPOベクター(Invitrogen社、カールスバッド、CA)においてクローニングした。クローニングした挿入断片は、ABI PRISM(登録商標) 3700 DNA Analyzer(Applied Biosystems社、フォスターシティ、CA)を用いるプライマーウォーキングにより、両鎖について配列決定し、精度は<1/10,000ヌクレオチド誤差であった。

#### 【0162】

##### 実施例3：PCRによるオオタバコガオクトパミンGPCRのクローニング

ポリA+ RNAを、オオタバコガ幼虫の腸管組織から作成した。cDNAを、ランダムプライマー及びGene Ampキット(Perkin Elmer社、サンノゼ、CA)を用い、逆転写により調製した。逆転写反応は、42℃で15分間進行することが可能であり、その後99℃で5分間反応液をインキュベーションすることにより停止した。オクトパミン受容体の増幅のために、入れ子式の縮重プライマーを、ショウジョウバエOAMB受容体及びフジツボオクトパミン受容体のアミノ酸配列に従いデザインした(フォワード縮重プライマー：5'gcatgtctagaggngaybnttggtgyhsnrntntgg 3' (配列番号：109)及びリバース縮重プライマー：5'gcataagcttngtyttnngcngcyytntngtytccat 3' (配列番号：110))。プライマーは、pBluescript(Stratagene社、ラホヤ、CA)へのクローニングのために、XbaI及びHindIII制限酵素切断部位を含んだ。縮重プライマーを使用する増幅のためのサイクリングパラメータは以下であった：開始増幅は95℃で105秒間；95℃で20秒間、63℃で30秒間、72℃で2分間を30サイクル；最終増幅は72℃で7分間；4℃で維持。各試料を、Qiagen PCR精製カラム／キット上で精製し、及び第一と同じ第二の増幅工程の鋳型として使用した。およそ1.1kbバンドを、オオタバコガオクトパミン受容体として配列決定により同定した。

#### 【0163】

cDNA末端の増幅は、MARATHON RACEキット(Clonetech Laboratories社、パロアルト、CA)を用いて行った。遺伝子特異的プライマー(5'RACEプライマー：5'ggatggaagccgtgcacatccayacg 3' (配列番号：111)及び3'RACEプライマー：5'ggcaggggaactgacggagagcagg 3' (配列番号：112))は、本願明細書において先に説明したように得たオオタバコガオクトパミン受容体配列に従いデザインした。オオタバコガ幼虫腸管から作成したcDNAライブラリーを、鋳型として用いた。RACE産物は、TOPO-Aベクター(Invitrogen社、カールスバッド、CA)にクローニングした。

ヌクレオチドコード：n=イノシン、Y=C+T、H=A+T+G、B=G+T+C、S=G+C、R=A+G

#### 【0164】

##### 実施例4：二本鎖RNA干渉

注入のためのdsRNAの調製。dsRNAとして発現される配列を、Bluescript KS(+)(Stratagene社、ラホヤ、CA)へクローニングし、適当な制限酵素で線状とし、かつin vitroにおいてAmbion T3及びT7 Megascriptキットにより、製造業者の指示に従い転写した(Ambion社、オースチン、TX)。転写産物は、85℃に加熱後注入緩衝液(0.1mM NaPO<sub>4</sub> (pH7.8)、5mM KCl)中でアニーリングし、1~24-時間の間室温で冷却した。全てのアニーリングした転写産物を、DNAマーカーと共にアガロースゲル上で分析し、アニーリングしたRNAのサイズを確

認し、及び先に説明されたように定量した(Fireら、Nature、391(6669):806-811 (1998))。注入されたRNAは、ゲル精製されなかった。1-kb dsRNAの0.1~1.0mg/ml溶液の0.1nlの注入は、おおまかに $10^7$ 分子/注入に相当した。

#### 【0165】

キイロショウジョウバエ胚の注入。ハエ籠を、2~4日齢ハエを用いて設定した。寒天-グレープジュースプレートを、1時間毎に交換し、1~2日間の卵収集に同期させた(synchronize)。卵を、引き続きの注入のために、30~60分間隔で収集した。これらの卵を、ナイロンメッシュバスケット中に水道水で洗い流した。希漂白液への短時間の浸漬により、漿膜を除去した。卵を、各卵が同じ方向を向くように、スライドガラス上に置いた。二本鎖RNAを、Eppendorf transjector (Eppendorf Scientific社、ウェストベリー、NY)を用い、各卵の中央部に注入した。注入後、スライドを、加湿したチャンバー内に保存し、胚の乾燥を防いだ。胚を、発生についてモニタリングし、1齢幼虫の時に、Drosophila培地を含むバイアルへ移した。ショウジョウバエ段階を育てる方法及び通常の遺伝子技術は、例えば、Roberts、「Drosophila melanogaster, A Practical Approach」、(1986)、IRL Press社、ワシントン、DC；Ashburner、「Drosophila: A Laboratory Handbook」、(1989a)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、ニューヨーク、NY；Ashburner、「Drosophila: A Laboratory Manual」、(1989b)、Cold Spring Harbor Laboratory Press社、ニューヨーク、NY；Goldstein及びFyrberg編集、「Methods in Cell Biology」、44巻(1994)、Academic Press社、サンディエゴ、CAに見ることができる。

10

#### 【0166】

実施例5：ショウジョウバエGPCRのin situハイブリダイゼーションによる発現パターン分析

20

野生型キイロショウジョウバエ(Oregon R系)を、公共のStock Center(ブルーミントン、IN)から得た(<http://flystocks.bio.indiana.edu>)。胚を、グレープジュース/寒天プレート上に、室温で約16時間収集した。移動する3齢期の幼虫を、この動物の全ての内部組織が検出されるように切開した。Berkeley Drosophila Genome Projectウェブサイト(<http://www.fruitfly.org/about/methods/RNAinsitu.html>)に説明された方法に従い、胚及び幼虫を固定し、プロセッシングし、及び検出した。染色後、組織を切り離し、70%グリセロール上に包埋し、複合顕微鏡で調べた。無翅遺伝子のセンス鎖対照は染色を示したのに対し、アンチセンス鎖は無翅について正確な発現パターンを示した。各GPCRの発現パターンは、デジタル写真で記録し、かつ下記表6に説明した。試験したほとんどのGPCRは、胚、幼虫又は両方のいずれかにおいて発現した。表6(GPCR発現)は、GPCRはどの組織において発現を有するかを示している。

30

#### 【0167】

表6：GPCRの発現プロファイル

【表 10】

| 遺伝子                | 幼虫に<br>偏在 | 幼虫脳 | 幼虫腸<br>管神経 | 幼虫体<br>壁神経 | 幼虫<br>腸管 | 幼虫<br>マルト-ギ管 | 胚におけ<br>る発現 |
|--------------------|-----------|-----|------------|------------|----------|--------------|-------------|
| 5-HT1A 56A         | x         |     |            |            |          |              |             |
| 5-HT2 82C4         |           |     |            |            |          |              | x           |
| 5-HT7 100A2        |           |     |            |            | x        |              |             |
| Adenosine 99E1     |           |     | x          | x          |          |              |             |
| Adrenergic 64C     |           | x   |            |            |          |              |             |
| Adrenergic 60D1    |           | x   |            |            |          |              |             |
| Allatostatin 3E1   |           |     |            |            |          |              |             |
| Calcitonin 49F9    |           |     |            |            | x        |              |             |
| CGk-X 26A1         |           |     |            |            | x        |              |             |
| DiureticHor2 51A1  |           | x   |            |            |          |              |             |
| DopR 88B1          |           | x   |            |            |          |              |             |
| Galanin 98E2       |           |     | x          |            |          | x            |             |
| Gastrin 17E3       |           | x   |            |            | x        |              |             |
| GRHR 27A2          |           |     |            |            | x        |              |             |
| Histamine 97B      |           | x   |            |            | x        |              |             |
| He6Receptor 100B1  |           |     |            |            | x        |              |             |
| Latrophilin 44D4   | x         |     |            |            |          |              | x           |
| Lymnokinin 64D3    |           | x   |            |            |          | x            |             |
| mAcR 60C           |           | x   |            |            |          |              |             |
| Mthlike 1          |           |     |            |            |          | x            |             |
| Mthlike 3          |           |     |            |            | x        |              |             |
| Neuro Y-like 77A1  |           | x   |            |            |          |              |             |
| NeuroYY 26B1       |           |     |            |            | x        |              |             |
| Neuro YY-like 83   |           | x   | x          |            | x        | x            |             |
| NeuropepYR 97E1    |           | x   |            |            |          |              |             |
| Octopamine 90C2    |           |     |            |            | x        |              |             |
| Prostaglandin 74F1 |           |     |            |            | x        |              |             |
| TakR 86C           |           | x   |            |            | x        |              |             |
| TakR 99D           |           |     |            |            |          | x            |             |
| Wormlike 47E       |           | x   |            |            | x        |              |             |
| Wprmlike 4F9       |           | x   |            |            |          |              |             |

10

20

30

40

## 【0168】

## 実施例6：大腸菌における組換え作成

本発明のcDNAクローンを、適当な発現ベクターへサブクローニングし、及び製造業者の条件を用い、大腸菌へ形質転換した。具体例は、pBluescript(Stratagene社、ラホヤ、CA)、pFLAG(International Biotechnologies社、ニューヘブン、CT)、及びpTrcHis(Invitrogen社、カールスバッド、CA)などのプラスミドを含む。標準の技術を用い、大腸菌は培養し、組換えタンパク質の発現を確認し、及び組換えタンパク質を単離した。

## 【0169】

## 実施例7：昆虫細胞におけるGPCRの組換え作出

AcNPVウイルスゲノムに由来するバキュロウイルスベクターは、昆虫細胞のSpodoptera

50

frugiperda (SF9)株(ATCC CRL# 1711)においてcDNAの高レベルの発現を提供するようにデザインされている。本発明のcDNAを発現している組換えバキュロウイルスは、標準の方法に従い作出される(Invitrogen MaxBac Manual、Invitrogen社、カールスバッド、CA): cDNA構築体は、pAC360及びBleBacベクター(Invitrogen社、カールスバッド、CA)を含む、様々なバキュロウイルス転移ベクターのいずれかひとつにおいて、ポリヘドリン遺伝子にライゲーションされる。組換えバキュロウイルスは、バキュロウイルス転移ベクター及び線状化されたAcNPVゲノムDNA(Kitts、Nucleic Acid Res、18:5667 (1990))のSF9細胞への同時-トランスフェクション後の相同的組換えにより作成される。組換えpAC360ウイルスは、感染細胞中の封入体の非存在により同定され、及び組換えpBlueBacウイルスは、 $\beta$ -ガラクトシダーゼ発現を基に同定される(Summers及びSmith、Texas Agriculture Exp Station速報第1555号)。

#### 【0170】

この遺伝子の全オープンリーディングフレームをコードしているcDNAを、pBlueBacII(Invitrogen社、カールスバッド、CA)のBamHI部位に挿入する。配列分析により同定された正の配向の構築体を用い、線状AcNPV野生型DNAの存在下で、SF9細胞にトランスフェクションする。組換え昆虫GPCRは、感染細胞の形質膜に存在する。この組換え昆虫GPCRを、感染細胞から、低張又は界面活性剤溶解により抽出する。

#### 【0171】

##### 実施例8: In vitro結合アッセイ

組換えタンパク質は、例えば、本願明細書において先に実施例6又は7において説明された方法に従い得ることができる。このタンパク質を、リガンド結合アッセイに適したチップ上に不動化する。チップ上に不動化されたタンパク質は、当該技術分野において公知の方法に従い、候補物質に曝される。試料化合物が不動化されたタンパク質と接触される間に、タンパク質-リガンド相互作用を検出することが可能な測定が実行される。測定技術は、先に説明されたような、SEDLI、ピアコア、及びFCSを含むが、これらに限定されるものではない。このタンパク質に結合する物質は、この方法を用い容易に発見され、更なる特徴決定が施される。

#### 【0172】

##### 実施例9: 細胞-ベースの活性アッセイ

細胞-ベースのアッセイを用い、Gタンパク質共役型受容体活性を検出し、及びEuroscreen(ブリュッセル、ベルギー)により提供されたプロトコルに本質的に説明されたように行う。関心のあるGPCRは、高レベルでアポイクオリン遺伝子を発現している組換え細胞株に安定して形質転換される(AequoScreen(商標))。GPCRがアゴニストにより活性化された場合、ヘテロ三量体Gタンパク質は、酵素ホスホリパーゼC $\beta$  (PLCB)を活性化するのであろう。次にPLC $\beta$ は、リン脂質、ホスファチジルイノシトール4,5ビスリン酸(PIP2)を切断し、ジアシルグリセロール(DAG)及びイノシトール三リン酸(IP3)を生成する。IP3は、IP3受容体へ結合し、及び細胞内貯蔵庫からCa<sup>2+</sup>を放出する。細胞は、細胞膜を容易に通過しかつアポイクオリンと複合しイクオリンを生成するセレンテラジンと共にインキュベーションする。イクオリン酵素活性はセレンテラジンの酸化時に発光することであるが、これはその周囲のカルシウム濃度に依存している。イクオリンの基本的活性は、GPCR刺激が存在しない場合は、非常に低い。細胞がGPCRアゴニストに曝された場合は、細胞内カルシウム濃度の上昇が、イクオリン酵素を活性化し、閃光ルミネセンスシグナルを生じる。発光強度は、細胞内カルシウム増加に比例する。

#### 【0173】

本願明細書に引用した参考文献は、その全体が本願明細書に参照として組入れられている。

本発明の様々な詳細は、本発明の範囲から逸脱しない限りは、変更することができることは理解されるであろう。更に前述の説明は、単に例証を目的とするものであり、限定を目的とするものではなく、本発明は添付された「特許請求の範囲」によって定義される。

#### 【配列表】

10

20

30

40

50

## SEQUENCE LISTING

<110> Syngenta Participations AG  
Spana, Eric  
Kamdar, Kim  
Stam, Lynn  
Valentine, Scott  
Griswald, Charles M

<120> Insect G Protein-Coupled Receptor Genes and Uses thereof

<130> 60134WOPCT

<150> 60/341,512

<151> 2001-12-18

<160> 112

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 2325

<212> DNA

<213> Drosophila melanogaster

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2325)

<223>

<400> 1

|                                                                 |    |
|-----------------------------------------------------------------|----|
| atg tcc gcg ttt cgc tac ttc tcg atc acc gac ttc tcc ttc gag gga | 48 |
| Met Ser Ala Phe Arg Tyr Phe Ser Ile Thr Asp Phe Ser Phe Glu Gly |    |
| 1 5 10 15                                                       |    |

|                                                                 |    |
|-----------------------------------------------------------------|----|
| cct ctg cta ccg ctg cac gcg gcc acc acg agc aag gat gcc aag gac | 96 |
| Pro Leu Leu Pro Leu His Ala Ala Thr Thr Ser Lys Asp Ala Lys Asp |    |
| 20 25 30                                                        |    |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| tcg gac agc ccc agt tcc gag ctg aac ata ccc tac acc gtc ttc gag | 144 |
| Ser Asp Ser Pro Ser Ser Glu Leu Asn Ile Pro Tyr Thr Val Phe Glu |     |
| 35 40 45                                                        |     |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gtc ctg gtg gcc atc gtc agc atc atc ggc aac gtg ctg gtg atc atc | 192 |
| Val Leu Val Ala Ile Val Ser Ile Ile Gly Asn Val Leu Val Ile Ile |     |
| 50 55 60                                                        |     |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gtc ttc cgc cgg gaa aga aag ttg cga cgc cgc acc aac tac tac ata | 240 |
| Val Phe Arg Arg Glu Arg Lys Leu Arg Arg Arg Thr Asn Tyr Tyr Ile |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gta tcc ctg gcc atg gcc gat ttg cta gtg ggc gca ttg ggt att ccc | 288 |
| Val Ser Leu Ala Met Ala Asp Leu Leu Val Gly Ala Leu Gly Ile Pro |     |
| 85 90 95                                                        |     |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| ttc gcc atc ctg gcc tcc atg gga cta ccc aga aac ctt cat gct tgc | 336 |
| Phe Ala Ile Leu Ala Ser Met Gly Leu Pro Arg Asn Leu His Ala Cys |     |
| 100 105 110                                                     |     |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| ctc ttc aca gtc tcc ctg ctc gtg gtg ctg tgt acc atc tcc atc ttc<br>Leu Phe Thr Val Ser Leu Leu Val Val Leu Cys Thr Ile Ser Ile Phe<br>115 120 125     | 384  |
| tgt ctg gtg gcc gtg tcc gtg gat cga tac tgg gcc atc cta tat ccg<br>Cys Leu Val Ala Val Ser Val Asp Arg Tyr Trp Ala Ile Leu Tyr Pro<br>130 135 140     | 432  |
| atg gcc tac tca agg aat gtc cgc acc cgc acg gcg att ttc atc ata<br>Met Ala Tyr Ser Arg Asn Val Arg Thr Arg Thr Ala Ile Phe Ile Ile<br>145 150 155 160 | 480  |
| tcc atg tgc tgg gtg gcc ggg acg ata gtg ggc ttc ctg ccg ctt ttc<br>Ser Met Cys Trp Val Ala Gly Thr Ile Val Gly Phe Leu Pro Leu Phe<br>165 170 175     | 528  |
| ggc tgg cac gcc gat gtc aat cac aac cag gag tgc ctc ttc gtg gag<br>Gly Trp His Ala Asp Val Asn His Asn Gln Glu Cys Leu Phe Val Glu<br>180 185 190     | 576  |
| gtg atg gac tac aac tac ctc gtc ttc ctc tat ttt gcc acc att atc<br>Val Met Asp Tyr Asn Tyr Leu Val Phe Leu Tyr Phe Ala Thr Ile Ile<br>195 200 205     | 624  |
| aca ccg gct ctg ctg atg ctg gcc ttc tac acg cac atc tac ccg gtc<br>Thr Pro Ala Leu Leu Met Leu Ala Phe Tyr Thr His Ile Tyr Arg Val<br>210 215 220     | 672  |
| atc atc aaa cag gtc cgt cag att gtt acg atg aac ccc gcc tcc gat<br>Ile Ile Lys Gln Val Arg Gln Ile Val Thr Met Asn Pro Ala Ser Asp<br>225 230 235 240 | 720  |
| ctc agt cgt cgc tcc tcg gcg gcc gtg gtg cag gtg acg aca ccc gga<br>Leu Ser Arg Arg Ser Ser Ala Ala Val Gln Val Thr Thr Pro Gly<br>245 250 255         | 768  |
| aga ggt gga cac acg gga acc atg ctg cgg gtc ttg ggc gcc gca agg<br>Arg Gly Gly His Thr Gly Thr Met Leu Arg Val Leu Gly Ala Ala Arg<br>260 265 270     | 816  |
| aag cgg gac gtc aag gcc acc cag aat ctg tcc att atc gtg ctg ttc<br>Lys Arg Asp Val Lys Ala Thr Gln Asn Leu Ser Ile Ile Val Leu Phe<br>275 280 285     | 864  |
| ttt atg atc tgc tgg ata ccg ctc tat acg atc aac tgc atc aag gcc<br>Phe Met Ile Cys Trp Ile Pro Leu Tyr Thr Ile Asn Cys Ile Lys Ala<br>290 295 300     | 912  |
| ttc tgt ccc gac tgt tat gtg cat ccc aag ctg acg ctc ttc tgc atc<br>Phe Cys Pro Asp Cys Tyr Val His Pro Lys Leu Thr Leu Phe Cys Ile<br>305 310 315 320 | 960  |
| att ctg tcc cat ctg aac tcg gcg gta aat ccc gtc ctg tat gcc tat<br>Ile Leu Ser His Leu Asn Ser Ala Val Asn Pro Val Leu Tyr Ala Tyr<br>325 330 335     | 1008 |
| cac ctc aag gat ttt cgg gct gcg ctg aag aac tta ctc ctg aag atg<br>His Leu Lys Asp Phe Arg Ala Ala Leu Lys Asn Leu Leu Leu Lys Met<br>340 345 350     | 1056 |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| atg ggc gtc gac att gat cag cag gcg gag gcc atc cac cgc ttc tcg<br>Met Gly Val Asp Ile Asp Gln Gln Ala Glu Ala Ile His Arg Phe Ser<br>355 360 365     | 1104 |
| gtg gcc agt cag cat cgc ctg cag tcc atg gac tct aat atg cgc tcc<br>Val Ala Ser Gln His Arg Leu Gln Ser Met Asp Ser Asn Met Arg Ser<br>370 375 380     | 1152 |
| acg cag ccg cgc ctc tat gtg ggt gag tat tca ccc att tgg ttg agg<br>Thr Gln Pro Arg Leu Tyr Val Gly Glu Tyr Ser Pro Ile Trp Leu Arg<br>385 390 395 400 | 1200 |
| cag cag cag gag gcc ctg aag aac tcc cag ctc ctg ccc aag tgc gga<br>Gln Gln Gln Glu Ala Leu Lys Asn Ser Gln Leu Leu Pro Lys Cys Gly<br>405 410 415     | 1248 |
| gtg gtg tcg ccc tgt ttc aac aac atc aac caa acg gtg gcc gcc gtg<br>Val Val Ser Pro Cys Phe Asn Asn Ile Asn Gln Thr Val Ala Ala Val<br>420 425 430     | 1296 |
| gct tcg gtg acc aca gat ctc gag cga gaa atg tgg aac ata gtg gag<br>Ala Ser Ser Gly Thr Thr Asp Leu Glu Arg Glu Met Trp Asn Ile Val Glu<br>435 440 445 | 1344 |
| gcc tcc agt ggc gcc gag ctg ggt gaa acc agc tac gag ttc cct tcc<br>Ala Ser Ser Gly Ala Glu Leu Gly Glu Thr Ser Tyr Glu Phe Pro Ser<br>450 455 460     | 1392 |
| ccc gct ccg ggt tcc cag cgc agc agt gaa cga aac agc agt tcc aca<br>Pro Ala Pro Gly Ser Gln Arg Ser Ser Glu Arg Asn Ser Ser Ser Thr<br>465 470 475 480 | 1440 |
| gtc cca cca gct cct cct gct cct gcg agg ccc tca gtt ccg tcc gcc<br>Val Pro Pro Ala Pro Pro Ala Pro Ala Arg Pro Ser Val Pro Ser Ala<br>485 490 495     | 1488 |
| tcc tat gac aac cac aac tac agt ttc agc cag gat gag gac gaa gat<br>Ser Tyr Asp Asn His Asn Tyr Ser Phe Ser Gln Asp Glu Asp Glu Asp<br>500 505 510     | 1536 |
| gat gat gat cta gag ttt gag gac gta ttt gtg ccg gcc agc tct gtt<br>Asp Asp Asp Leu Glu Phe Glu Asp Val Phe Val Pro Ala Ser Ser Val<br>515 520 525     | 1584 |
| cca aat ccc gtt cag cct ggc ata gat ccc gtg gaa ctg cgt cgc tcc<br>Pro Asn Pro Val Gln Pro Gly Ile Asp Pro Val Glu Leu Arg Arg Ser<br>530 535 540     | 1632 |
| ctg gct ttg gtc atg agg gag aaa ttg cga tcg gat gac acg gac tcc<br>Leu Ala Leu Val Met Arg Glu Lys Leu Arg Ser Asp Asp Thr Asp Ser<br>545 550 555 560 | 1680 |
| agg cca atg ggc aac aat cag gat ctt ccc ata gat gaa cag tcc agg<br>Arg Pro Met Gly Asn Asn Gln Asp Leu Pro Ile Asp Glu Gln Ser Arg<br>565 570 575     | 1728 |
| gac aga ccg ctc tcc act caa aca tct ccc aca aat ggc ccg ctt ccg<br>Asp Arg Pro Leu Ser Thr Gln Thr Ser Pro Thr Asn Gly Pro Leu Pro                    | 1776 |

10

20

30

| 580                                                                                                                                                   | 585 | 590 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| gct ctt ctg agg gcc aaa ctg ctt gct ggc aac tcc aat agc gct cac<br>Ala Leu Leu Arg Ala Lys Leu Leu Ala Gly Asn Ser Asn Ser Ala His<br>595 600 605     |     |     | 1824 |
| tgc ctg cca gga tcc acg gcg agt cct gct ccc cag gag caa tcc ggt<br>Cys Leu Pro Gly Ser Thr Ala Ser Pro Ala Pro Gln Glu Gln Ser Gly<br>610 615 620     |     |     | 1872 |
| atc ttt gtg atc gat agt gag gcg agt ccc ggc tca aat ggg cac aag<br>Ile Phe Val Ile Asp Ser Glu Ala Ser Pro Gly Ser Asn Gly His Lys<br>625 630 635 640 |     |     | 1920 |
| cct aag tat cga aag ggc acg gca ttc act cgg agt tcg ctg aag aag<br>Pro Lys Tyr Arg Lys Gly Thr Ala Phe Thr Arg Ser Ser Leu Lys Lys<br>645 650 655     |     |     | 1968 |
| agc cga tcc tgc aac tgt agc tcc atc gct aag gga cga ggg gtc cac<br>Ser Arg Ser Cys Asn Cys Ser Ser Ile Ala Lys Gly Arg Gly Val His<br>660 665 670     |     |     | 2016 |
| gac gag ccc agc agt aat ctc tgc agg gat cag gag tcc tct gta ctt<br>Asp Glu Pro Ser Ser Asn Leu Cys Arg Asp Gln Glu Ser Ser Val Leu<br>675 680 685     |     |     | 2064 |
| cca cag cat ccg cag cca gcc aac cat ccc aca gag aac ttc ttt agt<br>Pro Gln His Pro Gln Pro Ala Asn His Pro Thr Glu Asn Phe Phe Ser<br>690 695 700     |     |     | 2112 |
| ccg ctg aga tcg gtg ggc agt ttc atg cag cat tcc aac ctg ttt cac<br>Pro Leu Arg Ser Val Gly Ser Phe Met Gln His Ser Asn Leu Phe His<br>705 710 715 720 |     |     | 2160 |
| ttc ctc cag cct cac gcc gcc cgt ccc acc tca tcg acg gcg tcg tcc<br>Phe Leu Gln Pro His Ala Ala Arg Pro Thr Ser Ser Thr Ala Ser Ser<br>725 730 735     |     |     | 2208 |
| tcg gcc tcc acg ccc act cca tca cca ccg ccc atg ggt cag gct cag<br>Ser Ala Ser Thr Pro Thr Pro Ser Pro Pro Pro Met Gly Gln Ala Gln<br>740 745 750     |     |     | 2256 |
| gag gaa tcg gtt cca gtg ggt ctg acc acc tcc tcg ccg tcc ctt ctg<br>Glu Glu Ser Val Pro Val Gly Leu Thr Thr Ser Ser Pro Ser Leu Leu<br>755 760 765     |     |     | 2304 |
| gcg acc agc gcg gag agt tga<br>Ala Thr Ser Ala Glu Ser<br>770                                                                                         |     |     | 2325 |

10

20

30

<210> 2  
 <211> 774  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 2

Met Ser Ala Phe Arg Tyr Phe Ser Ile Thr Asp Phe Ser Phe Glu Gly



30

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

10

20

30

Val Pro Pro Ala Pro Pro Ala Pro Ala Arg Pro Ser Val Pro Ser Ala  
 485 490 495  
 Ser Tyr Asp Asn His Asn Tyr Ser Phe Ser Gln Asp Glu Asp Glu Asp  
 500 505 510  
 Asp Asp Asp Leu Glu Phe Glu Asp Val Phe Val Pro Ala Ser Ser Val  
 515 520 525  
 Pro Asn Pro Val Gln Pro Gly Ile Asp Pro Val Glu Leu Arg Arg Ser  
 530 535 540  
 Leu Ala Leu Val Met Arg Glu Lys Leu Arg Ser Asp Asp Thr Asp Ser  
 545 550 555 560  
 Arg Pro Met Gly Asn Asn Gln Asp Leu Pro Ile Asp Glu Gln Ser Arg  
 565 570 575  
 Asp Arg Pro Leu Ser Thr Gln Thr Ser Pro Thr Asn Gly Pro Leu Pro  
 580 585 590  
 Ala Leu Leu Arg Ala Lys Leu Leu Ala Gly Asn Ser Asn Ser Ala His  
 595 600 605  
 Cys Leu Pro Gly Ser Thr Ala Ser Pro Ala Pro Gln Glu Gln Ser Gly  
 610 615 620  
 Ile Phe Val Ile Asp Ser Glu Ala Ser Pro Gly Ser Asn Gly His Lys  
 625 630 635 640  
 Pro Lys Tyr Arg Lys Gly Thr Ala Phe Thr Arg Ser Ser Leu Lys Lys  
 645 650 655  
 Ser Arg Ser Cys Asn Cys Ser Ser Ile Ala Lys Gly Arg Gly Val His  
 660 665 670  
 Asp Glu Pro Ser Ser Asn Leu Cys Arg Asp Gln Glu Ser Ser Val Leu  
 675 680 685  
 Pro Gln His Pro Gln Pro Ala Asn His Pro Thr Glu Asn Phe Phe Ser  
 690 695 700  
 Pro Leu Arg Ser Val Gly Ser Phe Met Gln His Ser Asn Leu Phe His  
 705 710 715 720

10

20

30

Phe Leu Gln Pro His Ala Ala Arg Pro Thr Ser Ser Thr Ala Ser Ser  
                     725                    730                    735

Ser Ala Ser Thr Pro Thr Pro Ser Pro Pro Pro Met Gly Gln Ala Gln  
                     740                    745                    750

Glu Glu Ser Val Pro Val Gly Leu Thr Thr Ser Ser Pro Ser Leu Leu  
                     755                    760                    765

Ala Thr Ser Ala Glu Ser  
                     770

<210> 3  
 <211> 1185  
 <212> DNA  
 <213> Drosophila melanogaster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1185)  
 <223>

<400> 3  
 atg gct ggc cat cag tcg ctg gca ctt ttg ttg gcc acg cta att agc 48  
 Met Ala Gly His Ser Leu Ala Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ser  
 1                    5                    10                    15

agc tgg cca aaa gcc tct tgg ggc gcc act gga aac ggt agt atc ata 96  
 Ser Trp Pro Lys Ala Ser Trp Gly Ala Thr Gly Asn Gly Ser Ile Ile  
                     20                    25                    30

agc gtt agc aac agc agt ggc aac aac tat gca ttc acc tcg gaa cac 144  
 Ser Val Ser Asn Ser Ser Gly Asn Ala Asn Tyr Ala Phe Thr Ser Glu His  
                     35                    40                    45

acg gat cat tcg gat cac aat gcc aac gac tcc atg gaa tat gat gca 192  
 Thr Asp His Ser Asp His Asn Ala Asn Asp Ser Met Glu Tyr Asp Ala  
                     50                    55                    60

gag agt gtg gcc ctg gaa cgg atc gta tcc aca ata gtt ccc gta ttc 240  
 Glu Ser Val Ala Leu Glu Arg Ile Val Ser Thr Ile Val Pro Val Phe  
 65                    70                    75                    80

ttt ggc att atc gga ttc gca gga ctt ttg ggc aat ggt ctg gtt att 288  
 Phe Gly Ile Ile Gly Phe Ala Gly Leu Leu Gly Asn Gly Leu Val Ile  
                     85                    90                    95

ctg gtg gtt gtg gcc aac cag cag atg cgc tcc acc acc aat ctg ctg 336  
 Leu Val Val Val Ala Asn Gln Gln Met Arg Ser Thr Thr Asn Leu Leu  
                     100                    105                    110

ata atc aac ctg gcc gtc tcg gac att ctg ttc gtc atc ttc tgt gtc 384  
 Ile Ile Asn Leu Ala Val Ser Asp Ile Leu Phe Val Ile Phe Cys Val

10

20

30

| 115                                                                                                                                                   | 120 | 125 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| ccg ttc acg gct acc gat tac gtg ctg ccg gag tgg ccg ttt ggc aat<br>Pro Phe Thr Ala Thr Asp Tyr Val Leu Pro Glu Trp Pro Phe Gly Asn<br>130 135 140     |     |     | 432  |
| gtg tgg tgc aag ttt gtc cag tac atg att gtg gtt acg tgc cac tgc<br>Val Trp Cys Lys Phe Val Gln Tyr Met Ile Val Val Thr Cys His Cys<br>145 150 155 160 |     |     | 480  |
| agt gtt tac acg ctg gtg ctg atg tcc ttt gat cgc ttc ctg gcc gtc<br>Ser Val Tyr Thr Leu Val Leu Met Ser Phe Asp Arg Phe Leu Ala Val<br>165 170 175     |     |     | 528  |
| gtt cat ccc gtg act agc atg tcc ctg cga acg gag cgc aat gcc aca<br>Val His Pro Val Thr Ser Met Ser Leu Arg Thr Glu Arg Asn Ala Thr<br>180 185 190     |     |     | 576  |
| ctg gcc atc atg tgc gcc tgg ata acg att gtg acg act gcg att ccg<br>Leu Ala Ile Met Cys Ala Trp Ile Thr Ile Val Thr Thr Ala Ile Pro<br>195 200 205     |     |     | 624  |
| gtg gca ctt tgc cac tgc gtg agg att tat cag tac cac gga aat gct<br>Val Ala Leu Ser His Ser Val Arg Ile Tyr Gln Tyr His Gly Asn Ala<br>210 215 220     |     |     | 672  |
| ggc acc gct tgc gtc ttt tcc acg gag gag gag atc tgg agt ctc gtc<br>Gly Thr Ala Cys Val Phe Ser Thr Glu Glu Glu Ile Trp Ser Leu Val<br>225 230 235 240 |     |     | 720  |
| ggg ttt cag gtc tca ttc ttt cta tgc tca tat gtg gca cca ttg acg<br>Gly Phe Gln Val Ser Phe Phe Leu Ser Ser Tyr Val Ala Pro Leu Thr<br>245 250 255     |     |     | 768  |
| ctg att tgt ttc cta tat atg gga atg ctg gct cgt ctt tgg aaa agt<br>Leu Ile Cys Phe Leu Tyr Met Gly Met Leu Ala Arg Leu Trp Lys Ser<br>260 265 270     |     |     | 816  |
| gct cct ggc tgc aaa cct tcc gca gag tca cga aag gga aaa agg cgc<br>Ala Pro Gly Cys Lys Pro Ser Ala Glu Ser Arg Lys Gly Lys Arg Arg<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| gtc acc cga atg gtt gtt gtt gtc gta ttg gca ttc gcc atc tgt tgg<br>Val Thr Arg Met Val Val Val Val Val Leu Ala Phe Ala Ile Cys Trp<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| ctg ccc att cat gtc atc ctc gtg ctt aag gca ctg aat ctt tat ggc<br>Leu Pro Ile His Val Ile Leu Val Leu Lys Ala Leu Asn Leu Tyr Gly<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| ggc agc cac tta tgc gtc att att cag att ata tcc cat gtg gtg gcg<br>Gly Ser His Leu Ser Val Ile Ile Gln Ile Ile Ser His Val Val Ala<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| tac acg aat tgc tgc atc aat ccg ata ctg tat gcc ttt cta tcc gac<br>Tyr Thr Asn Ser Cys Ile Asn Pro Ile Leu Tyr Ala Phe Leu Ser Asp<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| aac ttt cgc aag gca ttc cgc aag gtg gtc tgg tgt gga agt ccg cca                                                                                       |     |     | 1104 |

10

20

30

Asn Phe Arg Lys Ala Phe Arg Lys Val Val Trp Cys Gly Ser Pro Pro  
 355 360 365  
 cct ttg atg acc aat caa cag gtg acc aag aca acg cga act gca acc 1152  
 Pro Leu Met Thr Asn Gln Gln Val Thr Lys Thr Thr Arg Thr Ala Thr  
 370 375 380  
 gga aac gga acg tcc aat att gaa atg ctc taa 1185  
 Gly Asn Gly Thr Ser Asn Ile Glu Met Leu  
 385 390

<210> 4  
 <211> 394  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

10

<400> 4

Met Ala Gly His Gln Ser Leu Ala Leu Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ser  
 1 5 10 15

Ser Trp Pro Lys Ala Ser Trp Gly Ala Thr Gly Asn Gly Ser Ile Ile  
 20 25 30

Ser Val Ser Asn Ser Ser Gly Asn Asn Tyr Ala Phe Thr Ser Glu His  
 35 40 45

Thr Asp His Ser Asp His Asn Ala Asn Asp Ser Met Glu Tyr Asp Ala  
 50 55 60

20

Glu Ser Val Ala Leu Glu Arg Ile Val Ser Thr Ile Val Pro Val Phe  
 65 70 75 80

Phe Gly Ile Ile Gly Phe Ala Gly Leu Leu Gly Asn Gly Leu Val Ile  
 85 90 95

Leu Val Val Val Ala Asn Gln Gln Met Arg Ser Thr Thr Asn Leu Leu  
 100 105 110

Ile Ile Asn Leu Ala Val Ser Asp Ile Leu Phe Val Ile Phe Cys Val  
 115 120 125

30

Pro Phe Thr Ala Thr Asp Tyr Val Leu Pro Glu Trp Pro Phe Gly Asn  
 130 135 140

Val Trp Cys Lys Phe Val Gln Tyr Met Ile Val Val Thr Cys His Cys  
 145 150 155 160

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

10

20

30

<210> 5  
 <211> 1902  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1902)  
 <223>

<400> 5  
 atg agt gat gag aca act att agc ctg gag gac ggc tat ccc ccc ctg 48  
 Met Ser Asp Glu Thr Thr Ile Ser Leu Glu Asp Gly Tyr Pro Pro Leu  
 1 5 10 15  
 gag gcg ttg aca act atg gtt ccc ccg gcg gac gcg act ggt ttt tcg 96  
 Glu Ala Leu Thr Thr Met Val Pro Pro Ala Asp Ala Thr Gly Phe Ser  
 20 25 30  
 cag tcg ctt ttg aca ttt gcc gcg gtc atg acc ttt ctc ata atg atc 144  
 Gln Ser Leu Leu Thr Phe Ala Ala Val Met Thr Phe Leu Ile Met Ile  
 35 40 45  
 gtg ggc ata tgc ggc aac ctg ttg acc gta gtg gcc ctg ctg aaa tgt 192  
 Val Gly Ile Cys Gly Asn Leu Leu Thr Val Val Ala Leu Leu Lys Cys  
 50 55 60  
 ccc aag gtg cgc aac gtg gcg gct gcc ttt atc atc agc ctc tgt att 240  
 Pro Lys Val Arg Asn Val Ala Ala Ala Phe Ile Ile Ser Leu Cys Ile  
 65 70 75 80  
 gcc gac ctg ctc ttc tgc gcc ctg gtg ctg cca ttc cag ggt ctg cgg 288  
 Ala Asp Leu Leu Phe Cys Ala Leu Val Leu Pro Phe Gln Gly Leu Arg  
 85 90 95  
 ttc gtc caa gga acc tgg cga cat ggc cag gtg ctg tgc cgc ctc att 336  
 Phe Val Gln Gly Thr Trp Arg His Gly Gln Val Leu Cys Arg Leu Ile  
 100 105 110  
 ccc ttt atc caa tac gga aac ata ggg gta tcc ctg ttg tgc atc gca 384  
 Pro Phe Ile Gln Tyr Gly Asn Ile Gly Val Ser Leu Leu Cys Ile Ala  
 115 120 125  
 atg atc acg atc aat cgg tat gtg atg atc aca cat cac gga ctt tat 432  
 Met Ile Thr Ile Asn Arg Tyr Val Met Ile Thr His His Gly Leu Tyr  
 130 135 140  
 gcc agg atc tat aaa cgc cac tgg att gcg gta atg atc gcc gcc tgc 480  
 Ala Arg Ile Tyr Lys Arg His Trp Ile Ala Val Met Ile Ala Ala Cys  
 145 150 155 160  
 tgg ctg ttc tcc tac ggc atg cag ctc ccg acg ctt ctg gga gag tgg 528  
 Trp Leu Phe Ser Tyr Gly Met Gln Leu Pro Thr Leu Leu Gly Glu Trp  
 165 170 175  
 ggt cgc ttt ggc tac gac tcg aga tta cag acc tgc tcc atc atg acc 576  
 Gly Arg Phe Gly Tyr Asp Ser Arg Leu Gln Thr Cys Ser Ile Met Thr  
 180 185 190

10

20

30



|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| gac gac cat ggg cac agc agc aag acg acg ttg ttt atc acc gcc ttc<br>Asp Asp His Gly His Ser Ser Lys Thr Thr Leu Phe Ile Thr Ala Phe<br>195 200 205     | 624  |
| gtc atc cct tgc ctg gtt atc att gcc tgc tat gcc aag atc ttc tgg<br>Val Ile Pro Cys Leu Val Ile Ile Ala Cys Tyr Ala Lys Ile Phe Trp<br>210 215 220     | 672  |
| gtg gtc cac aag tgc gag cag cgc ttg aag cgc cat gcc acc aaa caa<br>Val Val His Lys Ser Glu Gln Arg Leu Lys Arg His Ala Thr Lys Gln<br>225 230 235 240 | 720  |
| aac tcc ata ccc aac aac ctg cgc ccc cta gcc tct aca gga tca ggt<br>Asn Ser Ile Pro Asn Asn Leu Arg Pro Leu Ala Ser Thr Gly Ser Gly<br>245 250 255     | 768  |
| gcc ctg ccc tcc ggc gcg gaa tgc cag cca agc aac cgc gtc tcc tcg<br>Ala Leu Pro Ser Ser Gly Ala Glu Cys Gln Pro Ser Asn Arg Val Ser Ser<br>260 265 270 | 816  |
| gac agc agc agt agc ttc tcc atc gat gtg ccg gag aca gcg ccc agc<br>Asp Ser Ser Ser Ser Phe Ser Ile Asp Val Pro Glu Thr Ala Pro Ser<br>275 280 285     | 864  |
| ggc aaa cag cag cca acc cga gtc aac gat cag cgt gaa gta cgt gcc<br>Gly Lys Gln Gln Pro Thr Arg Val Asn Asp Gln Arg Glu Val Arg Ala<br>290 295 300     | 912  |
| aag cga aac gag tgg cgc atc act aag atg gtg ctg gcc atc ttc ctg<br>Lys Arg Asn Glu Trp Arg Ile Thr Lys Met Val Leu Ala Ile Phe Leu<br>305 310 315 320 | 960  |
| tcc ttc gtc gtc tgc tac ttg ccc atc aca att gtt aag gtg gcc gac<br>Ser Phe Val Val Cys Tyr Leu Pro Ile Thr Ile Val Lys Val Ala Asp<br>325 330 335     | 1008 |
| aag aat gtg gag cac ccc agc ctg cac atc tgc agc tat atc ctg ctc<br>Lys Asn Val Glu His Pro Ser Leu His Ile Cys Ser Tyr Ile Leu Leu<br>340 345 350     | 1056 |
| tac ctg tcg gct tgt att aat ccg atc atc tat gtc atc atg aac aag<br>Tyr Leu Ser Ala Cys Ile Asn Pro Ile Ile Tyr Val Ile Met Asn Lys<br>355 360 365     | 1104 |
| cag tac cgc aag gcc tac aag acg gtg gtt ttc tgt cag ccc gcc cgt<br>Gln Tyr Arg Lys Ala Tyr Lys Thr Val Val Phe Cys Gln Pro Ala Arg<br>370 375 380     | 1152 |
| ctt ctg ctg ccc ttc ggg aag acc aat ggc gct agc agc gca gca gaa<br>Leu Leu Leu Pro Phe Gly Lys Thr Asn Gly Ala Ser Ser Ala Ala Glu<br>385 390 395 400 | 1200 |
| atg gaa aga tac cgg gtt gag caa caa cca cag ccg cac aat cgt ctc<br>Met Glu Arg Tyr Arg Val Glu Gln Gln Pro Gln Pro His Asn Arg Leu<br>405 410 415     | 1248 |
| cca gat gtc ggg ggg aac ggg agc cgc atc ggg agc agg gac ggc aac<br>Pro Asp Val Gly Gly Asn Gly Ser Arg Ile Gly Ser Arg Asp Gly Asn                    | 1296 |

10

20

30

| 420                                                                                                                                                   | 425 | 430 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| ggg aac ggc agc ggt ggc ggt gat gca gac ccc acc gga ggt cca aca<br>Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Asp Ala Asp Pro Thr Gly Gly Pro Thr<br>435 440 445     |     |     | 1344 |
| agc cca agc ctt gga gat ggt gtc gcg ggg acc gga cct aat aag caa<br>Ser Pro Ser Leu Gly Asp Gly Val Ala Gly Thr Gly Pro Asn Lys Gln<br>450 455 460     |     |     | 1392 |
| atc gaa cct ccc gca gcc gac cgt tac gcc tcc gcc acc ctc ggt cct<br>Ile Glu Pro Pro Ala Ala Asp Arg Tyr Ala Ser Ala Thr Leu Gly Pro<br>465 470 475 480 |     |     | 1440 |
| cac ggc gac acc caa cgg aag caa cag caa cag cct cac cct gcg act<br>His Gly Asp Thr Gln Arg Lys Gln Gln Gln Gln Pro His Pro Ala Thr<br>485 490 495     |     |     | 1488 |
| gcc gct caa gaa gaa caa tca ctg cta cac caa cag cgg ctt caa cag<br>Ala Ala Gln Glu Glu Gln Ser Leu Leu His Gln Gln Arg Leu Gln Gln<br>500 505 510     |     |     | 1536 |
| cag cac tcc cag ccc cag cag cgg ctt ggg gat cgg gat cag cag cag<br>Gln His Ser Gln Pro Gln Gln Arg Leu Gly Asp Arg Asp Gln Gln Gln<br>515 520 525     |     |     | 1584 |
| ctc cat tta ccg gcc cgg agt tgg ctc act ggg gag cgg ctc cgc ctc<br>Leu His Leu Pro Ala Arg Ser Trp Leu Thr Gly Glu Arg Leu Arg Leu<br>530 535 540     |     |     | 1632 |
| gat ccg tcg cat aac aat ggt ggg gga cga cat aat act gga gga aga<br>Asp Pro Ser His Asn Asn Gly Gly Gly Arg His Asn Thr Gly Gly Arg<br>545 550 555 560 |     |     | 1680 |
| gga gct gcc gcc cac gcc tcc ggc gac ttc tgc gcc gac aac gcc ggc<br>Gly Ala Ala Ala His Ala Ser Gly Asp Phe Cys Ala Asp Asn Ala Gly<br>565 570 575     |     |     | 1728 |
| acc tcc ccc acc ctc atc ccc act gca tcc gct gtc cac gga ctc atc<br>Thr Ser Pro Thr Leu Ile Pro Thr Ala Ser Ala Val His Gly Leu Ile<br>580 585 590     |     |     | 1776 |
| aac aac aac aat cag cgg cgg agc agt ggt agc ggg gag cag tgc acc<br>Asn Asn Asn Asn Gln Arg Arg Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gln Cys Thr<br>595 600 605     |     |     | 1824 |
| aaa gcc ggc gac gcc aac gcc cca cat cta cat gaa tgt cga cag ccc<br>Lys Ala Gly Asp Ala Asn Ala Pro His Leu His Glu Cys Arg Gln Pro<br>610 615 620     |     |     | 1872 |
| gaa gag aaa cca ata cta cat gga tcg taa<br>Glu Glu Lys Pro Ile Leu His Gly Ser<br>625 630                                                             |     |     | 1902 |

10

20

30

<210> 6  
 <211> 633  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

&lt;400&gt; 6

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

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

Gln Ser Leu Leu Thr Phe Ala Ala Val Met Thr Phe Leu Ile Met Ile  
35 40 45

Val Gly Ile Cys Gly Asn Leu Leu Thr Val Val Ala Leu Leu Lys Cys  
50 55 60

Pro Lys Val Arg Asn Val Ala Ala Ala Phe Ile Ile Ser Leu Cys Ile  
65 70 75 80

Ala Asp Leu Leu Phe Cys Ala Leu Val Leu Pro Phe Gln Gly Leu Arg  
85 90 95

Phe Val Gln Gly Thr Trp Arg His Gly Gln Val Leu Cys Arg Leu Ile  
100 105 110

Pro Phe Ile Gln Tyr Gly Asn Ile Gly Val Ser Leu Leu Cys Ile Ala  
115 120 125

Met Ile Thr Ile Asn Arg Tyr Val Met Ile Thr His His Gly Leu Tyr  
130 135 140

Ala Arg Ile Tyr Lys Arg His Trp Ile Ala Val Met Ile Ala Ala Cys  
145 150 155 160

Trp Leu Phe Ser Tyr Gly Met Gln Leu Pro Thr Leu Leu Gly Glu Trp  
165 170 175

Gly Arg Phe Gly Tyr Asp Ser Arg Leu Gln Thr Cys Ser Ile Met Thr  
180 185 190

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

Val Ile Pro Cys Leu Val Ile Ile Ala Cys Tyr Ala Lys Ile Phe Trp  
210 215 220

10

20

30

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

10

20

30

Ile Glu Pro Pro Ala Ala Asp Arg Tyr Ala Ser Ala Thr Leu Gly Pro  
465 470 475 480

His Gly Asp Thr Gln Arg Lys Gln Gln Gln Gln Pro His Pro Ala Thr  
485 490 495

Ala Ala Gln Glu Glu Gln Ser Leu Leu His Gln Gln Arg Leu Gln Gln  
500 505 510

Gln His Ser Gln Pro Gln Gln Arg Leu Gly Asp Arg Asp Gln Gln Gln  
515 520 525

Leu His Leu Pro Ala Arg Ser Trp Leu Thr Gly Glu Arg Leu Arg Leu  
530 535 540

Asp Pro Ser His Asn Asn Gly Gly Gly Arg His Asn Thr Gly Gly Arg  
545 550 555 560

Gly Ala Ala Ala His Ala Ser Gly Asp Phe Cys Ala Asp Asn Ala Gly  
565 570 575

Thr Ser Pro Thr Leu Ile Pro Thr Ala Ser Ala Val His Gly Leu Ile  
580 585 590

Asn Asn Asn Asn Gln Arg Arg Ser Ser Gly Ser Gly Glu Gln Cys Thr  
595 600 605

Lys Ala Gly Asp Ala Asn Ala Pro His Leu His Glu Cys Arg Gln Pro  
610 615 620

Glu Glu Lys Pro Ile Leu His Gly Ser  
625 630

<210> 7  
<211> 1308  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1308)  
<223>

<400> 7  
atg gac aac tat acg gac gta ctg tac cag tac cgc ttg gca ccg tcc  
Met Asp Asn Tyr Thr Asp Val Leu Tyr Gln Tyr Arg Leu Ala Pro Ser  
1 5 10 15

48

10

20

30

|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| gcc agc ccg gaa atg gaa atg gaa ctg gcc gat ccg cgt cag atg gtc<br>Ala Ser Pro Glu Met Glu Met Glu Leu Ala Asp Pro Arg Gln Met Val<br>20 25 30        | 96  |
| cgc gga ttt cat ctg cca acc aac gag tcg cag ttg gag att ccc gac<br>Arg Gly Phe His Leu Pro Thr Asn Glu Ser Gln Leu Glu Ile Pro Asp<br>35 40 45        | 144 |
| tat ggc aac gag agc ctg gac tat ccc aac tac cag cag atg gtc ggc<br>Tyr Gly Asn Glu Ser Leu Asp Tyr Pro Asn Tyr Gln Gln Met Val Gly<br>50 55 60        | 192 |
| gga ccg tgt cgc atg gag gac aac aat atc agc tat tgg aat ctc acc<br>Gly Pro Cys Arg Met Glu Asp Asn Asn Ile Ser Tyr Trp Asn Leu Thr<br>65 70 75 80     | 240 |
| tgc gat tcg cca ctg gag tac gct atg ccg ctc tat ggc tac tgt atg<br>Cys Asp Ser Pro Leu Glu Tyr Ala Met Pro Leu Tyr Gly Tyr Cys Met<br>85 90 95        | 288 |
| ccc ttc ctg ctg atc atc acc att atc tcg aac tcc ctg att gtg ctc<br>Pro Phe Leu Leu Ile Ile Thr Ile Ile Ser Asn Ser Leu Ile Val Leu<br>100 105 110     | 336 |
| gtt ttg agc aag aag agc atg gcc acg ccc acc aat ttt gtg cta atg<br>Val Leu Ser Lys Lys Ser Met Ala Thr Pro Thr Asn Phe Val Leu Met<br>115 120 125     | 384 |
| gga atg gct ata tgc gat atg ctg acg gtt ata ttt ccg gca ccc ggt<br>Gly Met Ala Ile Cys Asp Met Leu Thr Val Ile Phe Pro Ala Pro Gly<br>130 135 140     | 432 |
| ctc tgg tat atg tac aca ttc ggc aat cat tat aag ccc ctg cat ccg<br>Leu Trp Tyr Met Tyr Thr Phe Gly Asn His Tyr Lys Pro Leu His Pro<br>145 150 155 160 | 480 |
| gtc tcc atg tgt ctg gcc tac agc att ttc aat gag ata atg cca gcc<br>Val Ser Met Cys Leu Ala Tyr Ser Ile Phe Asn Glu Ile Met Pro Ala<br>165 170 175     | 528 |
| atg tgc cac acc atc tcc gtt tgg cta act ctg gcc ctt gcc gtt caa<br>Met Cys His Thr Ile Ser Val Trp Leu Thr Leu Ala Leu Ala Val Gln<br>180 185 190     | 576 |
| aga tac atc tac gtt tgc cac gcc ccc atg gcc cga acg tgg tgc acg<br>Arg Tyr Ile Tyr Val Cys His Ala Pro Met Ala Arg Thr Trp Cys Thr<br>195 200 205     | 624 |
| atg ccg cgt gtg agg cgg tgc acg gcg tat att gca ttg ctg gcg ttt<br>Met Pro Arg Val Arg Arg Cys Thr Ala Tyr Ile Ala Leu Leu Ala Phe<br>210 215 220     | 672 |
| ctg cac caa ctg ccc aga ttc ttc gac agg acg tac atg ccg ctg gtg<br>Leu His Gln Leu Pro Arg Phe Phe Asp Arg Thr Tyr Met Pro Leu Val<br>225 230 235 240 | 720 |
| atc gag tgg aac ggc agc cca acg gag gtg tgc cac ttg gag acg tcg<br>Ile Glu Trp Asn Gly Ser Pro Thr Glu Val Cys His Leu Glu Thr Ser<br>245 250 255 260 | 768 |

10

20

30

30

Met Asp Asn Tyr Thr Asp Val Leu Tyr Gln Tyr Arg Leu Ala Pro Ser

30



Ile Glu Trp Asn Gly Ser Pro Thr Glu Val Cys His Leu Glu Thr Ser  
 245 250 255  
 Met Trp Val His Asp Tyr Ile Gly Val Asp Leu Tyr Tyr Thr Ser Tyr  
 260 265 270  
 Tyr Leu Phe Arg Val Leu Phe Val His Leu Leu Pro Cys Ile Ile Leu  
 275 280 285  
 Val Thr Leu Asn Ile Leu Leu Phe Ala Ala Met Arg Gln Ala Gln Glu  
 290 295 300  
 Arg Arg Lys Leu Leu Phe Arg Glu Asn Arg Lys Lys Glu Cys Lys Lys  
 305 310 315 320  
 Leu Arg Glu Thr Asn Cys Thr Thr Leu Met Leu Ile Val Val Val Ser  
 325 330 335  
 Val Phe Leu Leu Ala Glu Ile Pro Ile Ala Val Val Thr Ala Met His  
 340 345 350  
 Ile Val Ser Ser Leu Ile Ile Glu Phe Leu Asp Tyr Gly Leu Ala Asn  
 355 360 365  
 Ile Cys Ile Met Leu Thr Asn Phe Phe Leu Val Phe Ser Tyr Pro Ile  
 370 375 380  
 Asn Phe Gly Ile Tyr Cys Gly Met Ser Arg Gln Phe Arg Glu Thr Phe  
 385 390 395 400  
 Lys Glu Ile Phe Leu Gly Arg Leu Met Ala Lys Lys Asp Ser Ser Thr  
 405 410 415  
 Lys Tyr Ser Ile Val Asn Gly Ala Arg Thr Cys Thr Asn Thr Asn Glu  
 420 425 430  
 Thr Val Leu  
 435

10

20

30

<210> 9  
 <211> 1116  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <220>  
 <221> CDS

<222> (1) .. (1116)  
<223>

<400> 9

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| atg gca ttt acc agc agc tca tgc ccc gct tgg gat tat cga agc tcc | 48  |
| Met Ala Phe Thr Ser Ser Ser Ser Pro Ala Trp Asp Tyr Arg Ser Ser |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| ccg gaa gcg ttg ggt gtc gtc ccc ttc ctg tgg caa cgc cag aat gcc | 96  |
| Pro Glu Ala Leu Gly Val Val Pro Phe Leu Trp Gln Arg Gln Asn Ala |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| acg gaa acg cca acg gaa ata acc ctc cag gcg acc agc ttc ggt gcc | 144 |
| Thr Glu Thr Pro Thr Glu Ile Thr Leu Gln Ala Thr Ser Phe Gly Ala |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| ggc cat ctg ctg tgg cta gcc atc aat gcc ttc ttg ttc gtc ctc atc | 192 |
| Gly His Leu Leu Trp Leu Ala Ile Asn Ala Phe Leu Phe Val Leu Ile |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| ctg ggc ggc aat att ctg acc att gtg gcg gtg cgc acc tgc cgc cac | 240 |
| Leu Gly Gly Asn Ile Leu Thr Ile Val Ala Val Arg Thr Cys Arg His |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| ctg cga tgc gtc atc tcc aat ctg ttc atc ctg tgc ctg gcc gtc tcc | 288 |
| Leu Arg Ser Val Ile Ser Asn Leu Phe Ile Leu Ser Leu Ala Val Ser |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| gac ttc tgt gtg gga ctg gca ctg ccc tat cat ctg gta ttt tac atg | 336 |
| Asp Phe Cys Val Gly Leu Ala Leu Pro Tyr His Leu Val Phe Tyr Met |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| ggc tgc gac att ggc gcc atg aga ggt ccc tgc ctg ctg cgc ttc ttc | 384 |
| Gly Ser Asp Ile Gly Ala Met Arg Gly Pro Cys Leu Leu Arg Phe Phe |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| ctg ctc atc tgc gcc tgc tgc gtg tcc atg ctg acc ctg atc tgc att | 432 |
| Leu Leu Ile Cys Ala Cys Cys Val Ser Met Leu Thr Leu Ile Ser Ile |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| gcg gtt gat cgg tat ata gca gtc gtc tat gcc ctg cac tat aga aga | 480 |
| Ala Val Asp Arg Tyr Ile Ala Val Val Tyr Ala Leu His Tyr Arg Arg |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| tac atg acc cgt cga gtg gca tat agc atc atc ata ttc aat tgg tgc | 528 |
| Tyr Met Thr Arg Arg Val Ala Tyr Ser Ile Ile Ile Phe Asn Trp Cys |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| ttg ggt gca ttg gtg gct ctg ctg cca gtg ttc tgg aat cga tgg ccg | 576 |
| Leu Gly Ala Leu Val Ala Leu Leu Pro Val Phe Trp Asn Arg Trp Pro |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| gat gca cag gcg tgc gaa ttc gac gaa gtt ctc gcg cct ggt tac atc | 624 |
| Asp Ala Gln Ala Cys Glu Phe Asp Glu Val Leu Ala Pro Gly Tyr Ile |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| gcc gga gtg ata acg ccg ggt ttt gtg atc atc tgg atc tgt atg ttc | 672 |
| Ala Gly Val Ile Thr Pro Gly Phe Val Ile Ile Trp Ile Cys Met Phe |     |
| 210 215 220                                                     |     |

10

20

30

ctc gtc tac tgg cgc atc atg cgc gag gca tcc aag cag gcg ctg cga 720  
 Leu Val Tyr Trp Arg Ile Met Arg Glu Ala Ser Lys Gln Ala Leu Arg 240  
 225 230 235  
 ttg cga cag tgg gtg gtc tac aac acg gac gaa gcc acc acc atg cga 768  
 Leu Arg Gln Ser Val Val Tyr Asn Thr Asp Glu Ala Thr Thr Met Arg 255  
 245 250  
 aat ctg ctg ctc cat cca gac tgg aag agc gtc cag att gtg gtc ttc 816  
 Asn Leu Leu Leu His Pro Asp Trp Lys Ser Val Gln Ile Val Val Phe 270  
 260 265  
 atc atg ggc tgc ttt acg ctc tgt tgg cta ccg tac ttc tgt gtg gcc 864  
 Ile Met Gly Cys Phe Thr Leu Cys Trp Leu Pro Tyr Phe Cys Val Ala 285  
 275 280  
 att gcc cag cta ttt agc atc tgc cag agc agc tcg atg atc tac aag 912  
 Ile Ala Gln Leu Phe Ser Ile Cys Gln Ser Ser Ser Met Ile Tyr Lys 300  
 290 295  
 acg acg ttc tct ctg gcc att gcc aac tct gct ctc aat ccg att atc 960  
 Thr Thr Phe Ser Leu Ala Ile Ala Asn Ser Arg Ala Leu Asn Pro Ile Ile 320  
 305 310 315  
 tac tgg tgg aag aac tcc ggc ttt cgg cga gcc ttt gcc caa aca tta 1008  
 Tyr Ser Trp Lys Asn Ser Gly Phe Arg Ala Phe Ala Gln Thr Leu 335  
 325 330  
 tgc tgc cga acg gcg agg cag tgc gag gat caa ttg ccg gcg gac agc 1056  
 Cys Cys Arg Thr Ala Arg Gln Cys Glu Asp Gln Leu Pro Ala Asp Ser 350  
 340 345  
 aag cac cgc atg gag gcc aca tcc tca tct cag gag atc aaa ccg aag 1104  
 Lys His Arg Met Glu Ala Thr Ser Ser Ser Gln Glu Ile Lys Pro Lys 365  
 355 360  
 gcc act cag tga 1116  
 Ala Thr Gln 370

<210> 10  
 <211> 371  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 10

Met Ala Phe Thr Ser Ser Ser Ser Pro Ala Trp Asp Tyr Arg Ser Ser 15  
 1 5 10

Pro Glu Ala Leu Gly Val Val Pro Phe Leu Trp Gln Arg Gln Asn Ala 30  
 20 25

Thr Glu Thr Pro Thr Glu Ile Thr Leu Gln Ala Thr Ser Phe Gly Ala 45  
 35 40

10

20

30

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

10

20

30

275                      280                      285  
 Ile Ala Gln Leu Phe Ser Ile Cys Gln Ser Ser Ser Met Ile Tyr Lys  
 290                      295                      300  
 Thr Thr Phe Ser Leu Ala Ile Ala Asn Ser Ala Leu Asn Pro Ile Ile  
 305                      310                      315                      320  
 Tyr Ser Trp Lys Asn Ser Gly Phe Arg Arg Ala Phe Ala Gln Thr Leu  
 325                      330                      335  
 Cys Cys Arg Thr Ala Arg Gln Cys Glu Asp Gln Leu Pro Ala Asp Ser  
 340                      345                      350  
 Lys His Arg Met Glu Ala Thr Ser Ser Ser Gln Glu Ile Lys Pro Lys  
 355                      360                      365  
 Ala Thr Gln  
 370

<210> 11  
 <211> 2430  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2430)  
 <223>

<400> 11  
 atg tca ata gcg atc atg cct cac ctg cct atc aca ttt act ctc gcc 48  
 Met Ser Ile Ala Ile Met Pro His Leu Pro Ile Thr Phe Thr Leu Ala  
 1                      5                      10                      15  
 atc ctg ctc gca att gct tct aat gaa ggc gcg caa ggc gta gaa agt 96  
 Ile Leu Leu Ala Ile Ala Ser Asn Glu Gly Ala Gln Gly Val Glu Ser  
 20                      25                      30  
 gcg aca agg acg gca att gaa gct ata cga aca gga atc ggc acg aaa 144  
 Ala Thr Arg Thr Ala Ile Glu Ala Ile Arg Thr Gly Ile Gly Thr Lys  
 35                      40                      45  
 ccg gaa acg gaa att gcg gac gcc aca gag gcg gaa gcc ccc gtg cga 192  
 Pro Glu Thr Glu Ile Ala Asp Ala Thr Glu Ala Glu Ala Pro Val Arg  
 50                      55                      60  
 gag gta ata tcg ctg ctg ggc ata atc gat ggt gct gag tcc gat atc 240  
 Glu Val Ile Ser Leu Leu Gly Ile Ile Asp Gly Ala Glu Ser Asp Ile  
 65                      70                      75                      80  
 ctg gtt ccc gac gcc gcc gac aag tgt cct ggc ggc tat ttc cac tgc 288

10

20

30

| Leu | Val | Pro | Asp | Ala | Ala | Asp | Lys | Cys | Pro | Gly | Gly | Tyr | Phe | His | Cys |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| aat | aca | acg | gca | cag | tgt | gct | cca | cag | cgg | gcc | aac | tgt | gac | ggc | agt | 336 |
| Asn | Thr | Thr | Ala | Gln | Cys | Ala | Pro | Gln | Arg | Ala | Asn | Cys | Asp | Gly | Ser |     |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| gtc | gac | tgc | gat | gac | gca | tcg | gat | gag | gtg | aac | tgc | gtg | aac | gag | gtg | 384 |
| Val | Asp | Cys | Asp | Asp | Ala | Ser | Asp | Glu | Val | Asn | Cys | Val | Asn | Glu | Val |     |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| gac | gcc | aag | tac | tgg | gat | cac | ctg | tac | agg | aag | cag | cca | ttc | ggg | aga | 432 |
| Asp | Ala | Lys | Tyr | Trp | Asp | His | Leu | Tyr | Arg | Lys | Gln | Pro | Phe | Gly | Arg |     |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| cac | gat | aat | ctt | agg | att | ggc | gaa | tgc | ctt | tgg | ccc | aac | gaa | aac | ttt | 480 |
| His | Asp | Asn | Leu | Arg | Ile | Gly | Glu | Cys | Leu | Trp | Pro | Asn | Glu | Asn | Phe |     |
|     | 145 |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| tcc | tgt | ccc | tgt | cga | ggg | gat | gaa | att | cta | tgc | cga | ttt | cag | cag | cta | 528 |
| Ser | Cys | Pro | Cys | Arg | Gly | Asp | Glu | Ile | Leu | Cys | Arg | Phe | Gln | Gln | Leu |     |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |     |
| acc | gat | att | cca | gaa | cga | ctg | ccg | cag | cac | gat | ctg | gca | acg | ctc | gat | 576 |
| Thr | Asp | Ile | Pro | Glu | Arg | Leu | Pro | Gln | His | Asp | Leu | Ala | Thr | Leu | Asp |     |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| cta | acg | gga | aac | aat | ttc | gaa | acc | atc | cac | gaa | act | ttc | ttc | agt | gaa | 624 |
| Leu | Thr | Gly | Asn | Asn | Phe | Glu | Thr | Ile | His | Glu | Thr | Phe | Phe | Ser | Glu |     |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| ctg | cca | gac | gtc | gat | agc | tta | gtg | ctg | aag | ttc | tgc | tca | atc | cgt | gag | 672 |
| Leu | Pro | Asp | Val | Asp | Ser | Leu | Val | Leu | Lys | Phe | Cys | Ser | Ile | Arg | Glu |     |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| att | gcc | tcg | cat | gca | ttc | gat | cgc | ctg | gcg | gac | aac | cca | ctg | agg | acc | 720 |
| Ile | Ala | Ser | His | Ala | Phe | Asp | Arg | Leu | Ala | Asp | Asn | Pro | Leu | Arg | Thr |     |
|     | 225 |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |
| ctt | tat | atg | gac | gat | aat | aaa | tta | ccg | cat | ctg | ccg | gaa | cac | ttc | ttc | 768 |
| Leu | Tyr | Met | Asp | Asp | Asn | Lys | Leu | Pro | His | Leu | Pro | Glu | His | Phe | Phe |     |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |
| ccc | gag | ggc | aat | caa | ttg | agt | att | ctc | att | ttg | gca | cgc | aac | cac | ctg | 816 |
| Pro | Glu | Gly | Asn | Gln | Leu | Ser | Ile | Leu | Ile | Leu | Ala | Arg | Asn | His | Leu |     |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |
| cac | cat | ttg | aaa | cga | agc | gat | ttt | ctc | aat | cta | cag | aag | tta | cag | gaa | 864 |
| His | His | Leu | Lys | Arg | Ser | Asp | Phe | Leu | Asn | Leu | Gln | Lys | Leu | Gln | Glu |     |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |
| ctg | gac | ctt | cgc | ggc | aat | cgc | ata | gga | aac | ttc | gaa | gcc | gag | gtc | ttt | 912 |
| Leu | Asp | Leu | Arg | Gly | Asn | Arg | Ile | Gly | Asn | Phe | Glu | Ala | Glu | Val | Phe |     |
|     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |
| gcc | cga | cta | ccg | aat | ttg | gag | gtg | ctc | tat | ctc | aac | gaa | aac | cac | tta | 960 |
| Ala | Arg | Leu | Pro | Asn | Leu | Glu | Val | Leu | Tyr | Leu | Asn | Glu | Asn | His | Leu |     |
|     | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| aag cgt ctg gat cca gat aga ttt ccc aga acc ctg ctc aat ctg cac<br>Lys Arg Leu Asp Pro Asp Arg Phe Pro Arg Thr Leu Leu Asn Leu His<br>325 330 335     | 1008 |
| act ttg tcc ttg gct tac aat cag atc gag gac atc gcc gcg aat aca<br>Thr Leu Ser Leu Ala Tyr Asn Gln Ile Glu Asp Ile Ala Ala Asn Thr<br>340 345 350     | 1056 |
| ttc ccc ttt cca cgc ctt cga tac tta ttt ctg gct ggc aat cga tta<br>Phe Pro Phe Pro Arg Leu Arg Tyr Leu Phe Leu Ala Gly Asn Arg Leu<br>355 360 365     | 1104 |
| tcc cac ata cga gat gaa aca ttt tgc aat ctc agc aat cta caa gga<br>Ser His Ile Arg Asp Glu Thr Phe Cys Asn Leu Ser Asn Leu Gln Gly<br>370 375 380     | 1152 |
| ttg cac ttg aac gag aac cgg atc gaa ggc ttc gac ctg gag gcc ttc<br>Leu His Leu Asn Glu Asn Arg Ile Glu Gly Phe Asp Leu Glu Ala Phe<br>385 390 395 400 | 1200 |
| gcc tgt ttg aag aac cta agc tct ctg ctc cta acg ggc aat cgc ttc<br>Ala Cys Leu Lys Asn Leu Ser Ser Leu Leu Thr Gly Asn Arg Phe<br>405 410 415         | 1248 |
| cag acc ctc gat tcg cga gtt cta aaa aac cta agc agc ctg gat tat<br>Gln Thr Leu Asp Ser Arg Val Leu Lys Asn Leu Ser Ser Leu Asp Tyr<br>420 425 430     | 1296 |
| att tac ttc tcg tgg ttg cat ttg tgt agc gcc gcc atg aat gtc cgg<br>Ile Tyr Phe Ser Trp Phe His Leu Cys Ser Ala Ala Met Asn Val Arg<br>435 440 445     | 1344 |
| gtc tgt gat cca cac ggc gat ggc atc agc agc aag ttg cac ctg ctg<br>Val Cys Asp Pro His Gly Asp Gly Ile Ser Ser Lys Leu His Leu Leu<br>450 455 460     | 1392 |
| gac aat cag ata ttg cga ggc agt gtc tgg gtg atg gcc tcg att gcc<br>Asp Asn Gln Ile Leu Arg Gly Ser Val Trp Val Met Ala Ser Ile Ala<br>465 470 475 480 | 1440 |
| gtg gtt ggc aac cta ttg gtc ctg ctc ggt cgc tac ttc tac aaa tca<br>Val Val Gly Asn Leu Leu Val Leu Leu Gly Arg Tyr Phe Tyr Lys Ser<br>485 490 495     | 1488 |
| cgg agc aac gtg gag cac tcg ctc tac ctt cgc cat ttg gcc gcc agt<br>Arg Ser Asn Val Glu His Ser Leu Tyr Leu Arg His Leu Ala Ala Ser<br>500 505 510     | 1536 |
| gat ttc ctc atg ggc att tac ctc aca ttg att gcc tgt gcg gat atc<br>Asp Phe Leu Met Gly Ile Tyr Leu Thr Leu Ile Ala Cys Ala Asp Ile<br>515 520 525     | 1584 |
| agt ttt cgc ggc gag tat atc aaa tac gag gag acc tgg cgg cat agc<br>Ser Phe Arg Gly Glu Tyr Ile Lys Tyr Glu Glu Thr Trp Arg His Ser<br>530 535 540     | 1632 |
| ggc gtt tgt gcc ttc gca ggc ttc ctc agc acc ttc agc tgc cag tcg<br>Gly Val Cys Ala Phe Ala Gly Phe Leu Ser Thr Phe Ser Cys Gln Ser<br>545 550 555 560 | 1680 |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tcg acg ctg ctg ctc aca ttg gtc acc tgg gat cgt ctg atg tcg gtg<br>Ser Thr Leu Leu Leu Thr Leu Val Thr Trp Asp Arg Leu Met Ser Val<br>565 570 575     | 1728 |
| acg agg ccc ctc aag cca cgg gat acg gaa aaa gtt cgc att gtc cta<br>Thr Arg Pro Leu Lys Pro Arg Asp Thr Glu Lys Val Arg Ile Val Leu<br>580 585 590     | 1776 |
| cgc ctt ctg ctg ttg tgg ggc ata agt ttc gga tta gct gca gct cca<br>Arg Leu Leu Leu Leu Trp Gly Ile Ser Phe Gly Leu Ala Ala Ala Pro<br>595 600 605     | 1824 |
| ctt ctt ccc aat ccg tac ttt ggt agc cat ttc tac ggc aac aat ggt<br>Leu Leu Pro Asn Pro Tyr Phe Gly Ser His Phe Tyr Gly Asn Asn Gly<br>610 615 620     | 1872 |
| gtc tgc tta tcg ctg cat atc cac gat ccc tat gcg aag ggt tgg gag<br>Val Cys Leu Ser Leu His Ile His Asp Pro Tyr Ala Lys Gly Trp Glu<br>625 630 635     | 1920 |
| tac tcg gcg ctg ctg ttc atc ctg gtc aat acg ttg tca ctg atc ttc<br>Tyr Ser Ala Leu Ser Leu Phe Ile Leu Val Asn Thr Leu Ser Leu Ile Phe<br>645 650 655 | 1968 |
| atc ctc ttt tcc tac att cga atg ttg caa gcg ata agg gat tcg ggt<br>Ile Leu Phe Ser Tyr Ile Arg Met Leu Gln Ala Ile Arg Asp Ser Gly<br>660 665 670     | 2016 |
| ggc gga atg cga agc act cac agc ggt cgc gag aat gtg gta gca act<br>Gly Gly Met Arg Ser Thr His Ser Gly Arg Glu Asn Val Val Ala Thr<br>675 680 685     | 2064 |
| cgc ttt gcc atc att gtg acc acc gat tgc gcc tgc tgg ctg ccc ata<br>Arg Phe Ala Ile Ile Val Thr Thr Asp Cys Ala Cys Trp Leu Pro Ile<br>690 695 700     | 2112 |
| att gtg gtc aaa ttg gct gct ctt tca ggc tgc gaa atc tcg ccc gat<br>Ile Val Val Lys Leu Ala Ala Leu Ser Gly Cys Glu Ile Ser Pro Asp<br>705 710 715 720 | 2160 |
| ctt tac gcc tgg ctg gcg gtt ctt gtg ctg cca gtg aac tcg gcc ctc<br>Leu Tyr Ala Trp Leu Ala Val Leu Val Leu Pro Val Asn Ser Ala Leu<br>725 730 735     | 2208 |
| aat cca gtg ctc tac aca ttg acc act gcg gcc ttt aag caa cag ctg<br>Asn Pro Val Leu Tyr Thr Leu Thr Thr Ala Ala Phe Lys Gln Gln Leu<br>740 745 750     | 2256 |
| cgt cgc tac tgt cac acc ctg ccc agc tgc tcg ctg gtg aac aac gag<br>Arg Arg Tyr Cys His Thr Leu Pro Ser Cys Ser Leu Val Asn Asn Glu<br>755 760 765     | 2304 |
| acc cga tcc cag acc cag act gcc tac gag tcc gga ctg agt gtc agt<br>Thr Arg Ser Gln Thr Gln Thr Ala Tyr Glu Ser Gly Leu Ser Val Ser<br>770 775 780     | 2352 |
| ctg gcg cac ttg ggc ggt ggt gtg ggc ggc ggg tcg ggg cga aag cgg<br>Leu Ala His Leu Gly Gly Gly Val Gly Gly Gly Ser Gly Arg Lys Arg                    | 2400 |

10

20

30



```

785              790              795              800
atg tca cac cgg cag atg agc tat ctg tag                2430
Met Ser His Arg Gln Met Ser Tyr Leu
              805

```

```
<210> 12
<211> 809
<212> PRT
<213> Drosophila melanogaster
<400> 12
```

Met Ser Ile Ala Ile Met Pro His Leu Pro Ile Thr Phe Thr Leu Ala  
1 5 10 15

Ile Leu Leu Ala Ile Ala Ser Asn Glu Gly Ala Gln Gly Val Glu Ser  
20 25 30

Ala Thr Arg Thr Ala Ile Glu Ala Ile Arg Thr Gly Ile Gly Thr Lys  
35 40 45

Pro Glu Thr Glu Ile Ala Asp Ala Thr Glu Ala Glu Ala Pro Val Arg  
50 55 60

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

Leu Val Pro Asp Ala Ala Asp Lys Cys Pro Gly Gly Tyr Phe His Cys  
85 90 95

Asn Thr Thr Ala Gln Cys Ala Pro Gln Arg Ala Asn Cys Asp Gly Ser  
100 105 110

Val Asp Cys Asp Asp Ala Ser Asp Glu Val Asn Cys Val Asn Glu Val  
115 120 125

Asp Ala Lys Tyr Trp Asp His Leu Tyr Arg Lys Gln Pro Phe Gly Arg  
130 135 140

His Asp Asn Leu Arg Ile Gly Glu Cys Leu Trp Pro Asn Glu Asn Phe  
145 150 155 160

Ser Cys Pro Cys Arg Gly Asp Glu Ile Leu Cys Arg Phe Gln Gln Leu  
165 170 175

Thr Asp Ile Pro Glu Arg Leu Pro Gln His Asp Leu Ala Thr Leu Asp

| 180                                                                                | 185 | 190 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Leu Thr Gly Asn Asn Phe Glu Thr Ile His Glu Thr Phe Phe Ser Glu<br>195 200 205     |     |     |
| Leu Pro Asp Val Asp Ser Leu Val Leu Lys Phe Cys Ser Ile Arg Glu<br>210 215 220     |     |     |
| Ile Ala Ser His Ala Phe Asp Arg Leu Ala Asp Asn Pro Leu Arg Thr<br>225 230 235 240 |     |     |
| Leu Tyr Met Asp Asp Asn Lys Leu Pro His Leu Pro Glu His Phe Phe<br>245 250 255     |     |     |
| Pro Glu Gly Asn Gln Leu Ser Ile Leu Ile Leu Ala Arg Asn His Leu<br>260 265 270     |     |     |
| His His Leu Lys Arg Ser Asp Phe Leu Asn Leu Gln Lys Leu Gln Glu<br>275 280 285     |     |     |
| Leu Asp Leu Arg Gly Asn Arg Ile Gly Asn Phe Glu Ala Glu Val Phe<br>290 295 300     |     |     |
| Ala Arg Leu Pro Asn Leu Glu Val Leu Tyr Leu Asn Glu Asn His Leu<br>305 310 315 320 |     |     |
| Lys Arg Leu Asp Pro Asp Arg Phe Pro Arg Thr Leu Leu Asn Leu His<br>325 330 335     |     |     |
| Thr Leu Ser Leu Ala Tyr Asn Gln Ile Glu Asp Ile Ala Ala Asn Thr<br>340 345 350     |     |     |
| Phe Pro Phe Pro Arg Leu Arg Tyr Leu Phe Leu Ala Gly Asn Arg Leu<br>355 360 365     |     |     |
| Ser His Ile Arg Asp Glu Thr Phe Cys Asn Leu Ser Asn Leu Gln Gly<br>370 375 380     |     |     |
| Leu His Leu Asn Glu Asn Arg Ile Glu Gly Phe Asp Leu Glu Ala Phe<br>385 390 395 400 |     |     |
| Ala Cys Leu Lys Asn Leu Ser Ser Leu Leu Leu Thr Gly Asn Arg Phe<br>405 410 415     |     |     |

10

20

30

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

10

20

30

Ile Leu Phe Ser Tyr Ile Arg Met Leu Gln Ala Ile Arg Asp Ser Gly  
660 665 670

Gly Gly Met Arg Ser Thr His Ser Gly Arg Glu Asn Val Val Ala Thr  
675 680 685

Arg Phe Ala Ile Ile Val Thr Thr Asp Cys Ala Cys Trp Leu Pro Ile  
690 695 700

Ile Val Val Lys Leu Ala Ala Leu Ser Gly Cys Glu Ile Ser Pro Asp  
705 710 715 720

Leu Tyr Ala Trp Leu Ala Val Leu Val Leu Pro Val Asn Ser Ala Leu  
725 730 735

Asn Pro Val Leu Tyr Thr Leu Thr Thr Ala Ala Phe Lys Gln Gln Leu  
740 745 750

Arg Arg Tyr Cys His Thr Leu Pro Ser Cys Ser Leu Val Asn Asn Glu  
755 760 765

Thr Arg Ser Gln Thr Gln Thr Ala Tyr Glu Ser Gly Leu Ser Val Ser  
770 775 780

Leu Ala His Leu Gly Gly Gly Val Gly Gly Gly Ser Gly Arg Lys Arg  
785 790 795 800

Met Ser His Arg Gln Met Ser Tyr Leu  
805

<210> 13  
<211> 2031  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2031)  
<223>

<400> 13  
atg gac agg agt cgg agt agc aga gct gcc agc agc aac cag ttc atc 48  
Met Asp Arg Ser Arg Ser Ser Arg Ala Ala Ser Ser Asn Gln Phe Ile  
1 5 10 15  
agg cca tgt ggc cta ctg acg acc gtc atc ctg ctg cag acg ctt gtg 96  
Arg Pro Cys Gly Leu Leu Thr Thr Val Ile Leu Leu Gln Thr Leu Val  
20 25 30

10

20

30

|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| tcg atg agt ttg gcc atc gag gag atg tcg cca cca ccg gcc gcc ccg<br>Ser Met Ser Leu Ala Ile Glu Glu Met Ser Pro Pro Pro Ala Ala Pro<br>35 40 45        | 144 |
| cca cgt cca tcg ccg ccg ccc acc gtg aag ctc aac aag tgc tgc cat<br>Pro Arg Pro Ser Pro Pro Pro Thr Val Lys Leu Asn Lys Cys Cys His<br>50 55 60        | 192 |
| tcg ggc gag tat ctg aac gat ggc acc tgc atc gcc ggc agc gaa gcc<br>Ser Gly Glu Tyr Leu Asn Asp Gly Thr Cys Ile Ala Gly Ser Glu Ala<br>65 70 75 80     | 240 |
| ctg tgg ctg ccc atg gtg tac ttg gtg cag cag cag cgc ttc ttc gag<br>Leu Trp Leu Pro Met Val Tyr Leu Val Gln Gln Gln Arg Phe Phe Glu<br>85 90 95        | 288 |
| ccc cat ggc gcc agt ccg cga ttc ttg aag ttc ctg ccc aat acg aga<br>Pro His Gly Ala Ser Pro Arg Phe Leu Lys Phe Leu Pro Asn Thr Arg<br>100 105 110     | 336 |
| ccc acg tgc cga aag gac cag acg acg gag atc ttt cgc agc cgc gga<br>Pro Thr Cys Arg Lys Asp Gln Thr Thr Glu Ile Phe Arg Ser Arg Gly<br>115 120 125     | 384 |
| gcc aat gtg atg ctc ttt ccc aat ggc acg ctc tat gtg cgg gaa cgc<br>Ala Asn Val Met Leu Phe Pro Asn Gly Thr Leu Tyr Val Arg Glu Arg<br>130 135 140     | 432 |
| gct cta atg gtc cag ccg tcg gat tac tgt gtc gac tgg gag gtg gcc<br>Ala Leu Met Val Gln Pro Ser Asp Tyr Cys Val Asp Trp Glu Val Ala<br>145 150 155 160 | 480 |
| gtc gtt tgc ttg aac gac agt cag ccg atc aat gct ctg gag gat ccc<br>Val Val Cys Leu Asn Asp Ser Gln Pro Ile Asn Ala Leu Glu Asp Pro<br>165 170 175     | 528 |
| gat tat gca gcc aat cct ctc gtg cag cag gag ccg ccc aag gct agc<br>Asp Tyr Ala Ala Asn Pro Leu Val Gln Gln Glu Pro Pro Lys Ala Ser<br>180 185 190     | 576 |
| ctg cga ctg agc aag tgc tgc ggc aag tgg ggc agc tat aac acg cag<br>Leu Arg Leu Ser Lys Cys Cys Gly Lys Trp Gly Ser Tyr Asn Thr Gln<br>195 200 205     | 624 |
| ctc cag aac tgc gat ctg cag ccc aac cat cag gca gcc gtc gat gga<br>Leu Gln Asn Cys Asp Leu Gln Pro Asn His Gln Ala Ala Val Asp Gly<br>210 215 220     | 672 |
| ctg ctg cga ttg tcg ccg cag cta ccg gag ggc agc tat cag act agc<br>Leu Leu Arg Leu Ser Pro Gln Leu Pro Glu Gly Ser Tyr Gln Thr Ser<br>225 230 235 240 | 720 |
| tac ggc ctg ccc gac tgt ggc caa ccc ggt ggc tac tcc att gcc ggt<br>Tyr Gly Leu Pro Asp Cys Gly Gln Pro Gly Gly Tyr Ser Ile Ala Gly<br>245 250 255     | 768 |
| gat tgg cag gat gcc aag ctg gat cgg aac acg gcc atg ctc cag ttg<br>Asp Trp Gln Asp Ala Lys Leu Asp Arg Asn Thr Ala Met Leu Gln Leu                    | 816 |

10

20

30

| 260                                                                                                                                                   | 265 | 270 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| ccg cac aag aac ctc agc gcc gga caa tac tgc ctg gag cac aca cag<br>Pro His Lys Asn Leu Ser Ala Gly Gln Tyr Cys Leu Glu His Thr Gln<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| cgc gag ggc gag gtg aag atc ata gcc tgc cag cat ttg ttt agc tcc<br>Arg Glu Gly Glu Val Lys Ile Ile Ala Cys Gln His Leu Phe Ser Ser<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| gcg gca gga gcc ggc atc cac gac ggc tcc att gga ggc acc atc gag<br>Ala Ala Gly Ala Gly Ile His Asp Gly Ser Ile Gly Gly Thr Ile Glu<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| cag gcc aat ggc cag aat cta cag aag gcc gtc ctg act ggt ggc ata<br>Gln Ala Asn Gly Gln Asn Leu Gln Lys Ala Val Leu Thr Gly Gly Ile<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| ctt gtg tcc att gtc ttc ctg tcc gcc act ttg gtg gcc ggc ttc ctg<br>Leu Val Ser Ile Val Phe Leu Ser Ala Thr Leu Val Ala Gly Phe Leu<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| ctg ccc gct gtg cat cat gcg ctt cat tgg cgc tgc caa atc tgc tat<br>Leu Pro Ala Val His His Ala Leu His Trp Arg Cys Gln Ile Cys Tyr<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| gtc acc tgc ctg cta ttc ggc aaa ata ctg ctg gcc atc gag gag ctg<br>Val Thr Cys Leu Leu Phe Gly Lys Ile Leu Leu Ala Ile Glu Glu Leu<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| agc tcc agc ctg cag ccg ggc agt gcc gcc tgc cat acg ctt gct atc<br>Ser Ser Ser Leu Gln Pro Gly Ser Ala Ala Cys His Thr Leu Ala Ile<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| acc atg cag ttc ttc ttt ctg gcc gcc ttc ttt tgg ctg aac acc atg<br>Thr Met Gln Phe Phe Phe Leu Ala Ala Phe Phe Trp Leu Asn Thr Met<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| tgc ttc aac atc tgg tgg acg ttc cgg gac ttt cgg ccc agt tgc ttg<br>Cys Phe Asn Ile Trp Trp Thr Phe Arg Asp Phe Arg Pro Ser Ser Leu<br>420 425 430     |     |     | 1296 |
| gaa cgc aat cag gag gca ctg cgt cgc tat ctg tac tcc ctg tac gct<br>Glu Arg Asn Gln Glu Ala Leu Arg Arg Tyr Leu Tyr Ser Leu Tyr Ala<br>435 440 445     |     |     | 1344 |
| tgg ggc ggt cct ctg ctt atc acc ttc gtg gcc gcc tgc gtg gac cag<br>Trp Gly Gly Pro Leu Leu Ile Thr Phe Val Ala Ala Cys Val Asp Gln<br>450 455 460     |     |     | 1392 |
| ctg ccg gag acg acg cta ctg cgt ccg gga ttc gga cag ctc tac tgc<br>Leu Pro Glu Thr Thr Leu Leu Arg Pro Gly Phe Gly Gln Leu Tyr Cys<br>465 470 475 480 |     |     | 1440 |
| tgg ttc gac aat cgc aat ctc tgc atc ttc gcc tac ttc tac gga ccc<br>Trp Phe Asp Asn Arg Asn Leu Ser Ile Phe Ala Tyr Phe Tyr Gly Pro<br>485 490 495     |     |     | 1488 |
| att ggc ctg ctg ctg tgc gcc aat ata gcg ctc ttc gtg tcc acc acc                                                                                       |     |     | 1536 |

10

20

30

```

Ile Gly Leu Leu Leu Cys Ala Asn Ile Ala Leu Phe Val Ser Thr Thr
      500                      505                      510
cat cag ttg acg tgc ggc ctg tgg aaa cgg gac gat gtc aag tcc tca      1584
His Gln Leu Thr Cys Gly Leu Trp Lys Arg Asp Asp Val Lys Ser Ser
      515                      520                      525

tcg gag aag tcc gcc ctg gga cgc gtc tgc ctg aag cta gtc gtc gtt      1632
Ser Glu Lys Ser Ala Leu Gly Arg Val Cys Leu Lys Leu Val Val Val
      530                      535                      540

atg ggt gtc acc tgg ata gcg gac att ctg tcc tgg cta gtg ggt gga      1680
Met Gly Val Thr Trp Ile Ala Asp Ile Leu Ser Trp Leu Val Gly Gly
      545                      550                      555

ccg cat ggc gta tgg ttc ttc acc gac ctg atc aac gcc ctg caa ggc      1728
Pro His Gly Val Trp Phe Phe Thr Asp Leu Ile Asn Ala Leu Gln Gly
      565                      570                      575

gtc ttc atc ttc atc gtg gtg ggc tgc cag ccg cag gtg tgg acc gcc      1776
Val Phe Ile Phe Ile Val Val Gly Cys Gln Pro Gln Val Trp Thr Ala
      580                      585                      590

tgc cgc agg atc ttc tgt ccg cga ttg cgt cat gac atc acc aat acg      1824
Cys Arg Arg Ile Phe Cys Pro Arg Leu Arg His Asp Ile Thr Asn Thr
      595                      600                      605

acc aac ggt gtc cag cac tcg agc agc tcg cag ggt ttg ccc tcg atg      1872
Thr Asn Gly Val Gln His Ser Ser Ser Ser Gln Gly Leu Pro Ser Met
      610                      615                      620

gcc gcc gcc acg gag att aca cag aac acc acc acc acc acc acg aca      1920
Ala Gly Gly Thr Glu Ile Thr Gln Asn Thr Thr Thr Thr Thr Thr
      625                      630                      635

gcc aac acg acc gcc act cac atg ccc agc aat ccg gcg gag gat gag      1968
Ala Asn Thr Thr Ala Thr His Met Pro Ser Asn Pro Ala Glu Asp Glu
      645                      650                      655

gta ccg gag aag gct ccc att gcc ccc gtc gca ccc atc gtc aaa atg      2016
Val Pro Glu Lys Ala Pro Ile Ala Pro Val Ala Pro Ile Val Lys Met
      660                      665                      670

gag acc att tgc taa      2031
Glu Thr Ile Cys
      675

```

```

<210> 14
<211> 676
<212> PRT
<213> Drosophila melanogaster

<400> 14

```

```

Met Asp Arg Ser Arg Ser Ser Arg Ala Ala Ser Ser Asn Gln Phe Ile
1          5          10          15

```

10

20

30

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

10

20

30



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

10

20

30

Ile Gly Leu Leu Leu Cys Ala Asn Ile Ala Leu Phe Val Ser Thr Thr  
500 505 510

His Gln Leu Thr Cys Gly Leu Trp Lys Arg Asp Asp Val Lys Ser Ser  
515 520 525

Ser Glu Lys Ser Ala Leu Gly Arg Val Cys Leu Lys Leu Val Val Val  
530 535 540

Met Gly Val Thr Trp Ile Ala Asp Ile Leu Ser Trp Leu Val Gly Gly  
545 550 555 560

Pro His Gly Val Trp Phe Phe Thr Asp Leu Ile Asn Ala Leu Gln Gly  
565 570 575

Val Phe Ile Phe Ile Val Val Gly Cys Gln Pro Gln Val Trp Thr Ala  
580 585 590

Cys Arg Arg Ile Phe Cys Pro Arg Leu Arg His Asp Ile Thr Asn Thr  
595 600 605

Thr Asn Gly Val Gln His Ser Ser Ser Ser Gln Gly Leu Pro Ser Met  
610 615 620

Ala Gly Gly Thr Glu Ile Thr Gln Asn Thr Thr Thr Thr Thr Thr  
625 630 635 640

Ala Asn Thr Thr Ala Thr His Met Pro Ser Asn Pro Ala Glu Asp Glu  
645 650 655

Val Pro Glu Lys Ala Pro Ile Ala Pro Val Ala Pro Ile Val Lys Met  
660 665 670

Glu Thr Ile Cys  
675

<210> 15  
<211> 1755  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1) .. (1755)  
<223>

10

20

30

```

<400> 15
atg ttc aac tac gag gag ggg gat gcc gac cag gcg gcc atg gct gca 48
Met Phe Asn Tyr Glu Glu Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ala Met Ala Ala
1 5 10 15

gcg gct gcc tat agg gca ctg ctc gac tac tat gcc aat gcg cca agt 96
Ala Ala Ala Tyr Arg Ala Leu Leu Asp Tyr Tyr Ala Asn Ala Pro Ser
20 25 30

gcg gcg ggt cac ata gtg tcg ctc aac gtg gca ccc tac aat gga act 144
Ala Ala His Ile Val Ser Leu Asn Val Ala Pro Tyr Asn Gly Thr
35 40 45

gga aac gga ggc act gtc tcc ttg gcg ggc aat gcg aca agc agc tat 192
Gly Asn Gly Gly Thr Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Thr Ser Ser Tyr
50 55 60

ggc gat gat gat agg gat ggc tat atg gac acc gag ccc agt gac ctg 240
Gly Asp Asp Asp Arg Asp Gly Tyr Met Asp Thr Glu Pro Ser Asp Leu
65 70 75 80

gtc acc gaa ctg gcc ttc tcc ctg ggc acc agt tca agt cca agt ccc 288
Val Thr Glu Leu Ala Phe Ser Leu Gly Thr Ser Ser Ser Pro Ser Pro
85 90 95

agt tcc aca ccc gct tcc agc tcc agt act tcc act ggc atg ccc gtc 336
Ser Ser Thr Pro Ala Ser Ser Ser Ser Thr Ser Thr Gly Met Pro Val
100 105 110

tgg ctg ata ccc agc tat agc atg att ctg ctg ttc gcc gtg ctg ggc 384
Trp Leu Ile Pro Ser Tyr Ser Met Ile Leu Leu Phe Ala Val Leu Gly
115 120 125

aac ctg ctg gtc atc tcg acg ctg gtg cag aat cgc cgg atg cgt acc 432
Asn Leu Leu Val Ile Ser Thr Leu Val Gln Asn Arg Arg Met Arg Thr
130 135 140

ata acc aac gtg ttc ctg ctc aac ctg gcc ata tcg gac atg ctg ctg 480
Ile Thr Asn Val Phe Leu Leu Asn Leu Ala Ile Ser Asp Met Leu Leu
145 150 155 160

ggc gtg ctc tgc atg ccc gtc acc ctg gtg ggc acc ctg ctg cga aac 528
Gly Val Leu Cys Met Pro Val Thr Leu Val Gly Thr Leu Leu Arg Asn
165 170 175

ttc atc ttt ggc gag ttc ctc tgc aag ctc ttt cag ttc tcg caa gcc 576
Phe Ile Phe Gly Glu Phe Leu Cys Lys Leu Phe Gln Phe Ser Gln Ala
180 185 190

gcc tcc gtg gcc gtt tcg tcc tgg acc ttg gtg gcc ata tcc tgt gag 624
Ala Ser Val Ala Val Ser Ser Trp Thr Leu Val Ala Ile Ser Cys Glu
195 200 205

cgc tac tac gcg ata tgc cat cca ctg cgc tcg cga tcc tgg cag aca 672
Arg Tyr Tyr Ala Ile Cys His Pro Leu Arg Ser Arg Ser Trp Gln Thr
210 215 220

atc agt cac gcc tac aag atc atc ggc ttc atc tgg ctg ggc ggc atc 720

```

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |    |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|----|
| Ile | Ser | His | Ala | Tyr | Lys | Ile | Ile | Gly | Phe | Ile | Trp | Leu | Gly | Gly | Ile |      |    |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |      |    |
| ctc | tgc | atg | acg | ccc | ata | gcg | gtc | ttt | agt | caa | ttg | ata | ccc | acc | agt | 768  |    |
| Leu | Cys | Met | Thr | Pro | Ile | Ala | Val | Phe | Ser | Gln | Leu | Ile | Pro | Thr | Ser |      |    |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |    |
| cga | ccg | ggc | tac | tgc | aag | tgc | cgt | gag | ttt | tgg | ccc | gac | cag | gga | tac | 816  |    |
| Arg | Pro | Gly | Tyr | Cys | Lys | Cys | Arg | Glu | Phe | Trp | Pro | Asp | Gln | Gly | Tyr |      |    |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |    |
| gag | ctc | ttc | tac | aac | atc | ctg | ctg | gac | ttc | ctg | ctg | ctc | gtc | ctg | ccg | 864  |    |
| Glu | Leu | Phe | Tyr | Asn | Ile | Leu | Leu | Asp | Phe | Leu | Leu | Leu | Val | Leu | Pro |      |    |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |    |
| ctt | ctc | gtc | ctc | tgc | gtg | gcc | tac | atc | ctc | atc | acg | cgt | acc | ctg | tac | 912  | 10 |
| Leu | Leu | Val | Leu | Cys | Val | Ala | Tyr | Ile | Leu | Ile | Thr | Arg | Thr | Leu | Tyr |      |    |
|     |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |    |
| gta | ggc | atg | gcc | aag | gac | agc | gga | cgc | atc | ctg | cag | caa | tcg | ctg | cct | 960  |    |
| Val | Gly | Met | Ala | Lys | Asp | Ser | Gly | Arg | Ile | Leu | Gln | Gln | Ser | Leu | Pro |      |    |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |      |    |
| gtt | tcc | gct | aca | acg | gcc | ggc | gga | agc | gca | ccg | aat | ccg | ggc | acc | agc | 1008 |    |
| Val | Ser | Ala | Thr | Thr | Ala | Gly | Gly | Ser | Ala | Pro | Asn | Pro | Gly | Thr | Ser |      |    |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |    |
| agc | agt | agt | aac | tgc | atc | ctg | gtc | ctg | acc | gcc | acc | gca | gtc | tat | aat | 1056 |    |
| Ser | Ser | Ser | Asn | Cys | Ile | Leu | Val | Leu | Thr | Ala | Thr | Ala | Val | Tyr | Asn |      |    |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |    |
| gaa | aat | agt | aac | aat | aat | aat | gga | aat | tca | gag | gga | tcc | gca | ggc | gga | 1104 | 20 |
| Glu | Asn | Ser | Asn | Asn | Asn | Asn | Gly | Asn | Ser | Glu | Gly | Ser | Ala | Gly | Gly |      |    |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |    |
| gga | tca | acc | aat | atg | gca | acg | acc | acc | ttg | aca | acg | aga | cca | acg | gct | 1152 |    |
| Gly | Ser | Thr | Asn | Met | Ala | Thr | Thr | Thr | Leu | Thr | Thr | Arg | Pro | Thr | Ala |      |    |
|     |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |      |    |
| cca | act | gtg | atc | acc | acc | acc | acg | acg | acc | acg | gtg | acg | ctg | gcc | aag | 1200 |    |
| Pro | Thr | Val | Ile | Thr | Thr | Thr | Thr | Thr | Thr | Thr | Val | Thr | Leu | Ala | Lys |      |    |
|     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |      |    |
| acc | tcc | tcg | ccc | agc | att | cgc | gtc | cac | gat | gcg | gca | ctt | cgc | agg | tcc | 1248 |    |
| Thr | Ser | Ser | Pro | Ser | Ile | Arg | Val | His | Asp | Ala | Ala | Leu | Arg | Arg | Ser |      |    |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |      |    |
| aac | gag | gcc | aag | acc | ctg | gag | agc | aag | aag | cgt | gtg | gtc | aag | atg | ctg | 1296 |    |
| Asn | Glu | Ala | Lys | Thr | Leu | Glu | Ser | Lys | Lys | Arg | Val | Val | Lys | Met | Leu |      |    |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |      |    |
| ttc | gtc | ctg | gtg | ctg | gag | ttt | ttc | atc | tgc | tgg | act | ccg | ctg | tac | gtg | 1344 |    |
| Phe | Val | Leu | Val | Leu | Glu | Phe | Phe | Ile | Cys | Trp | Thr | Pro | Leu | Tyr | Val |      |    |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |    |
| atc | aac | acg | atg | gtc | atg | ctg | atc | gga | ccg | gtg | gtg | tac | gag | tat | gtc | 1392 |    |
| Ile | Asn | Thr | Met | Val | Met | Leu | Ile | Gly | Pro | Val | Val | Tyr | Glu | Tyr | Val |      |    |
|     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |    |

10

20

30

gac tac acg gcc atc agt ttc ctc cag ctg ctg gcc tac tca tcc agc 1440  
 Asp Tyr Thr Ala Ile Ser Phe Leu Gln Leu Leu Ala Tyr Ser Ser Ser  
 465 470 475 480  
 tgc tgc aat ccg atc acc tac tgc ttc atg aac gcc agc ttc cgg cgc 1488  
 Cys Cys Asn Pro Ile Thr Tyr Cys Phe Met Asn Ala Ser Phe Arg Arg  
 485 490 495  
 gcc ttt gtc gac acc ttc aag ggt ctg ccc tgg cgt cgt gga gca ggt 1536  
 Ala Phe Val Asp Thr Phe Lys Gly Leu Pro Trp Arg Arg Gly Ala Gly  
 500 505 510  
 gcc agc gga ggc gtc ggt ggt gct gct ggt gga gga ctc tcc gcc agc 1584  
 Ala Ser Gly Gly Val Gly Gly Ala Ala Gly Gly Gly Leu Ser Ala Ser  
 515 520 525  
 cag gcg ggc gca ggc ccg ggc gcc tat gcg agt gcc aac acc aac att 1632  
 Gln Ala Gly Ala Gly Pro Gly Ala Tyr Ala Ser Ala Asn Thr Asn Ile  
 530 535 540  
 agt ctc aat ccc ggc cta gcc atg ggt atg ggc acc tgg cgg agt cgc 1680  
 Ser Leu Asn Pro Gly Leu Ala Met Gly Met Gly Thr Trp Arg Ser Arg  
 545 550 555 560  
 tca cgc cac gag ttt ctc aat gcg gtg gtg acc acc aat agt gcc gcc 1728  
 Ser Arg His Glu Phe Leu Asn Ala Val Val Thr Thr Asn Ser Ala Ala  
 565 570 575  
 gcc gcc gtc aac agt cct cag ctc taa 1755  
 Ala Ala Val Asn Ser Pro Gln Leu  
 580

<210> 16  
 <211> 584  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 16

Met Phe Asn Tyr Glu Glu Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ala Met Ala Ala  
1 5 10 15

Ala Ala Ala Tyr Arg Ala Leu Leu Asp Tyr Tyr Ala Asn Ala Pro Ser  
20 25 30

Ala Ala Gly His Ile Val Ser Leu Asn Val Ala Pro Tyr Asn Gly Thr  
35 40 45

Gly Asn Gly Gly Thr Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Thr Ser Ser Tyr  
50 55 60

Gly Asp Asp Asp Arg Asp Gly Tyr Met Asp Thr Glu Pro Ser Asp Leu  
65 70 75 80

10

20

30

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

10

20

30

Val Ser Ala Thr Thr Ala Gly Gly Ser Ala Pro Asn Pro Gly Thr Ser  
 325 330 335  
 Ser Ser Ser Asn Cys Ile Leu Val Leu Thr Ala Thr Ala Val Tyr Asn  
 340 345 350  
 Glu Asn Ser Asn Asn Asn Asn Gly Asn Ser Glu Gly Ser Ala Gly Gly  
 355 360 365  
 Gly Ser Thr Asn Met Ala Thr Thr Thr Leu Thr Thr Arg Pro Thr Ala  
 370 375 380  
 Pro Thr Val Ile Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Val Thr Leu Ala Lys  
 385 390 395 400  
 Thr Ser Ser Pro Ser Ile Arg Val His Asp Ala Ala Leu Arg Arg Ser  
 405 410 415  
 Asn Glu Ala Lys Thr Leu Glu Ser Lys Lys Arg Val Val Lys Met Leu  
 420 425 430  
 Phe Val Leu Val Leu Glu Phe Phe Ile Cys Trp Thr Pro Leu Tyr Val  
 435 440 445  
 Ile Asn Thr Met Val Met Leu Ile Gly Pro Val Val Tyr Glu Tyr Val  
 450 455 460  
 Asp Tyr Thr Ala Ile Ser Phe Leu Gln Leu Leu Ala Tyr Ser Ser Ser  
 465 470 475 480  
 Cys Cys Asn Pro Ile Thr Tyr Cys Phe Met Asn Ala Ser Phe Arg Arg  
 485 490 495  
 Ala Phe Val Asp Thr Phe Lys Gly Leu Pro Trp Arg Arg Gly Ala Gly  
 500 505 510  
 Ala Ser Gly Gly Val Gly Gly Ala Ala Gly Gly Gly Leu Ser Ala Ser  
 515 520 525  
 Gln Ala Gly Ala Gly Pro Gly Ala Tyr Ala Ser Ala Asn Thr Asn Ile  
 530 535 540  
 Ser Leu Asn Pro Gly Leu Ala Met Gly Met Gly Thr Trp Arg Ser Arg

10

20

30

[illegible]

30



|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |    |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|----|
| Thr | Ser | Leu | Val | Pro | Ala | Leu | Thr | Thr | Gly | Leu | Ser | Gly | Asp | Gly | Ser |      |    |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |      |    |
| ggt | gcg | ggt | atc | gag | gac | gag | gag | gat | gcc | gag | aag | gcc | agc | gag | tac | 528  |    |
| Gly | Ala | Val | Ile | Glu | Asp | Glu | Glu | Asp | Ala | Glu | Lys | Ala | Ser | Glu | Tyr |      |    |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |      |    |
| atc | ttt | gat | cgc | acc | gat | gtg | cgc | ata | ata | ttc | atc | aca | ctc | tac | aca | 576  |    |
| Ile | Phe | Asp | Arg | Thr | Asp | Val | Arg | Ile | Ile | Phe | Ile | Thr | Leu | Tyr | Thr |      |    |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |      |    |
| ctg | gtg | ttt | tgc | tgc | tgt | ttc | ttt | ggt | aac | ctc | ctt | gtt | att | ttg | gtg | 624  |    |
| Leu | Val | Phe | Cys | Cys | Cys | Phe | Phe | Gly | Asn | Leu | Leu | Val | Ile | Leu | Val |      |    |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |      |    |
| gtc | aca | tta | tca | cga | cga | ctg | cgc | tca | ata | acc | aac | ttt | ttc | ctc | gcc | 672  |    |
| Val | Thr | Leu | Ser | Arg | Arg | Leu | Arg | Ser | Ile | Thr | Asn | Phe | Phe | Leu | Ala |      | 10 |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |      |    |
| aac | ttg | gcg | ttt | gcc | gac | ttc | tgt | gtt | gga | ctc | ttt | tgt | gtg | atg | cag | 720  |    |
| Asn | Leu | Ala | Phe | Ala | Asp | Phe | Cys | Val | Gly | Leu | Phe | Cys | Val | Met | Gln |      |    |
| 225 |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |      |    |
| aat | ctg | tcc | atc | tat | ctg | ata | gaa | agc | tgg | gtc | ttt | ggc | gag | ttc | ctc | 768  |    |
| Asn | Leu | Ser | Ile | Tyr | Leu | Ile | Glu | Ser | Trp | Val | Phe | Gly | Glu | Phe | Leu |      |    |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |      |    |
| tgc | cgc | atg | tac | cag | ttt | gtc | cac | tcc | ctg | agc | tac | acg | gcc | tcc | att | 816  |    |
| Cys | Arg | Met | Tyr | Gln | Phe | Val | His | Ser | Leu | Ser | Tyr | Thr | Ala | Ser | Ile |      |    |
|     |     |     | 260 |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |     |     |      |    |
| ttc | atc | ctg | ggt | gtc | atc | tgt | atg | gag | cgc | tac | ttt | gcc | atc | gta | cac | 864  | 20 |
| Phe | Ile | Leu | Val | Val | Ile | Cys | Met | Glu | Arg | Tyr | Phe | Ala | Ile | Val | His |      |    |
|     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |    |
| ccc | att | acc | tgc | aaa | cag | atc | cta | act | gcg | gct | cgt | ctg | agg | atg | gtc | 912  |    |
| Pro | Ile | Thr | Cys | Lys | Gln | Ile | Leu | Thr | Ala | Ala | Arg | Leu | Arg | Met | Val |      |    |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |    |
| att | gtc | aca | ggt | tgg | att | aca | tcg | gca | gtt | tac | tcc | acg | ccc | aag | ttt | 960  |    |
| Ile | Val | Thr | Val | Trp | Ile | Thr | Ser | Ala | Val | Tyr | Ser | Thr | Pro | Lys | Phe |      |    |
| 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |      |    |
| gtt | ttc | agc | aag | acc | att | aag | aac | atc | cac | acg | cag | gac | ggg | cag | gag | 1008 |    |
| Val | Phe | Ser | Lys | Thr | Ile | Lys | Asn | Ile | His | Thr | Gln | Asp | Gly | Gln | Glu |      |    |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |     |      |    |
| gag | gag | ata | tgt | gtc | ctg | gac | cgt | gag | atg | ttc | aac | tcc | aag | ttg | ctg | 1056 |    |
| Glu | Glu | Ile | Cys | Val | Leu | Asp | Arg | Glu | Met | Phe | Asn | Ser | Lys | Leu | Leu |      | 30 |
|     |     |     | 340 |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |     |      |    |
| gac | atg | att | aac | ttt | gtg | ctt | ctc | tac | gtt | atg | cgc | ctc | ttg | gtg | atg | 1104 |    |
| Asp | Met | Ile | Asn | Phe | Val | Leu | Leu | Tyr | Val | Met | Pro | Leu | Leu | Val | Met |      |    |
|     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |     |      |    |
| acg | gtg | ctg | tac | agc | aaa | atc | gcc | atc | gcc | ttg | tgg | cgc | agt | tgc | cgc | 1152 |    |
| Thr | Val | Leu | Tyr | Ser | Lys | Ile | Ala | Ile | Ala | Leu | Trp | Arg | Ser | Ser | Arg |      |    |
|     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |      |    |

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| ggc ctc acg ccg cat gtg gtg cag cat cag cat cag cag ccg cag cag     | 1200 |
| Gly Leu Thr Pro His Val Val Gln His Gln His Gln Gln Pro Gln Gln     |      |
| 385 390 395 400                                                     |      |
| cca tcc tgc cag gac att ggc atg ggt atg cac aac agc atg tac cat     | 1248 |
| Pro Ser Cys Gln Asp Ile Gly Met Gly Met His Asn Ser Met Tyr His     |      |
| 405 410 415                                                         |      |
| cac cat ccg cat cat cat cac cac cac cac cag cat cac cag ctg caa     | 1296 |
| His His Pro His His His His His His Gln His His Gln Leu Gln         |      |
| 420 425 430                                                         |      |
| tcg gcg gct tgc tgc gca gga gtg gtg gga gtg ggt ttg ggt ggt ggt     | 1344 |
| Ser Ala Ala Ser Ser Ala Gly Val Val Gly Val Gly Leu Gly Gly Gly     |      |
| 435 440 445                                                         |      |
| ggg ggc ggt cct ggt ccg tca ctc gct tcc ggc ggc agc agc acc         | 1392 |
| Gly Gly Gly Pro Gly Lys Gln Ser Ser Leu Ala Ser Tyr Glu Ser Ser Thr |      |
| 450 455 460                                                         |      |
| acg tcc ttg tcc cgc aaa cag agc agt aaa tat gag aag cgc ggc gtc     | 1440 |
| Thr Ser Leu Ser Arg Lys Gln Ser Ser Lys Tyr Glu Lys Arg Gly Val     |      |
| 465 470 475 480                                                     |      |
| agc atc acg gag agc cag ctc gat aat tgc aag gtg tcc ctg gag gcc     | 1488 |
| Ser Ile Thr Glu Ser Lys Gln Leu Asp Asn Cys Lys Val Ser Leu Glu Ala |      |
| 485 490 495                                                         |      |
| gat cgt ccc att gtc agt gcc tgc cgc aag acg agc ttc tac cac cac     | 1536 |
| Asp Arg Pro Ile Val Ser Ala Cys Arg Lys Thr Ser Phe Tyr His His     |      |
| 500 505 510                                                         |      |
| ggc cac gcc cat cac cag ccg gcg ggc aac gcc tca gtg ggc ggt ggc     | 1584 |
| Gly His Ala His His Gln Arg Ala Gly Asn Ala Ser Val Gly Gly Gly     |      |
| 515 520 525                                                         |      |
| agc ggc gga gcc ggg gcc gga gcc acc cac atg tcc cac tcg tcc agc     | 1632 |
| Ser Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Thr His Met Ser His Ser Ser Ser     |      |
| 530 535 540                                                         |      |
| aac gtc cta cgc gcc ccg ccg ggc gtt gtc cgc atg ctg ata ata ttc     | 1680 |
| Asn Val Leu Arg Ala Arg Arg Gly Val Val Arg Met Leu Ile Ile Phe     |      |
| 545 550 555 560                                                     |      |
| gtg ctg aca ttc gcc ctc tgc aat ctg ccg tat cat gcc cgc aaa atg     | 1728 |
| Val Leu Thr Phe Ala Leu Cys Asn Leu Pro Tyr His Ala Arg Lys Met     |      |
| 565 570 575                                                         |      |
| tgg cag tac tgg tca cgt tcg tat cgc ggt gat tcc aat ttt aat gcg     | 1776 |
| Trp Gln Tyr Trp Ser Arg Ser Tyr Arg Gly Asp Ser Asn Phe Asn Ala     |      |
| 580 585 590                                                         |      |
| ctg cta aca ccg ctc acc ttt ctg gtc acg tac ttc aat tcg ggc gta     | 1824 |
| Leu Leu Thr Pro Leu Thr Phe Leu Val Thr Tyr Phe Asn Ser Gly Val     |      |
| 595 600 605                                                         |      |
| aat ccc cta ctc tac gcc ttc ctc agt cgc aat ttt ccg aag ggc atg     | 1872 |
| Asn Pro Leu Leu Tyr Ala Phe Leu Ser Arg Asn Phe Arg Lys Gly Met     |      |
| 610 615 620                                                         |      |

10

20

30

aag gag ctg ctc ctc tgc tcc tgg aag aag ggc aag ggc aag tcc tcc 1920  
 Lys Glu Leu Leu Leu Cys Ser Trp Lys Lys Gly Lys Gly Lys Ser Ser  
 625 630 635 640

tcg aac tcc tcg atg cac cac aag cgc aag gcg ctg cag acc cac tcg 1968  
 Ser Asn Ser Ser Met His His Lys Arg Lys Ala Leu Gln Thr His Ser  
 645 650 655

ctg ccc acg gac acc acc cac att ggg aac gag cag cta tga 2010  
 Leu Pro Thr Asp Thr Thr His Ile Gly Asn Glu Gln Leu  
 660 665

<210> 18  
 <211> 669  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

10

<400> 18

Met Ile Met Thr Met Met Gln Thr Val Arg Ala Trp Gln Gln Glu Ser  
 1 5 10 15

Asp Val Glu His Arg Lys Gln His Lys Gln Arg Trp Arg Pro Asp Gly  
 20 25 30

Ala His Ile Ser Ala Ala Tyr Asp Leu Asn Ser Asp Asn Asp Asp Gly  
 35 40 45

His His Arg Val Val His Asn Gln Asn Asn Gly Ser Pro Asn Ser Ser  
 50 55 60

20

Pro Asn Gln Ser Thr Ser Ala Phe Arg Gln Arg Gln Pro His His Pro  
 65 70 75 80

Pro Thr Gly Gln Gln Pro Pro Arg Leu Pro Cys Thr Val Thr His Phe  
 85 90 95

Ser Ala His Trp Lys Thr Leu Leu Ile Leu Leu Thr Leu Leu Ser Ala  
 100 105 110

Ser Thr Leu Thr Ala Ser Ala Asn Val Thr Ser Thr Ile Ser Pro Pro  
 115 120 125

30

Ile Asn Gly Ser Ser Thr Asp Tyr Ile Leu Leu Tyr Gly Glu Ser Thr  
 130 135 140

Thr Ser Leu Val Pro Ala Leu Thr Thr Gly Leu Ser Gly Asp Gly Ser  
 145 150 155 160

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

10

20

30

| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |  |  |  |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|
| Pro | Ser | Cys | Gln | Asp | Ile | Gly | Met | Gly | Met | His | Asn | Ser | Met | Tyr | His |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |  |  |  |  |
| His | His | Pro | His | His | His | His | His | His | His | Gln | His | His | Gln | Leu | Gln |  |  |  |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     |     | 425 |     |     |     | 430 |     |     |  |  |  |  |
| Ser | Ala | Ala | Ser | Ser | Ala | Gly | Val | Val | Gly | Val | Gly | Leu | Gly | Gly | Gly |  |  |  |  |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |  |  |  |  |
| Gly | Gly | Gly | Gly | Pro | Gly | Pro | Ser | Leu | Ala | Ser | Gly | Gly | Ser | Ser | Thr |  |  |  |  |
|     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Thr | Ser | Leu | Ser | Arg | Lys | Gln | Ser | Ser | Lys | Tyr | Glu | Lys | Arg | Gly | Val |  |  |  |  |
| 465 |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |  |  |  |  |
| Ser | Ile | Thr | Glu | Ser | Gln | Leu | Asp | Asn | Cys | Lys | Val | Ser | Leu | Glu | Ala |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |  |  |  |  |
| Asp | Arg | Pro | Ile | Val | Ser | Ala | Cys | Arg | Lys | Thr | Ser | Phe | Tyr | His | His |  |  |  |  |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |  |  |  |  |
| Gly | His | Ala | His | His | Gln | Arg | Ala | Gly | Asn | Ala | Ser | Val | Gly | Gly | Gly |  |  |  |  |
|     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     |     | 525 |     |     |  |  |  |  |
| Ser | Gly | Gly | Ala | Gly | Ala | Gly | Ala | Thr | His | Met | Ser | His | Ser | Ser | Ser |  |  |  |  |
|     | 530 |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |  |  |  |  |
| Asn | Val | Leu | Arg | Ala | Arg | Arg | Gly | Val | Val | Arg | Met | Leu | Ile | Ile | Phe |  |  |  |  |
| 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |  |  |  |  |
| Val | Leu | Thr | Phe | Ala | Leu | Cys | Asn | Leu | Pro | Tyr | His | Ala | Arg | Lys | Met |  |  |  |  |
|     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |  |  |  |  |
| Trp | Gln | Tyr | Trp | Ser | Arg | Ser | Tyr | Arg | Gly | Asp | Ser | Asn | Phe | Asn | Ala |  |  |  |  |
|     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |  |  |  |  |
| Leu | Leu | Thr | Pro | Leu | Thr | Phe | Leu | Val | Thr | Tyr | Phe | Asn | Ser | Gly | Val |  |  |  |  |
|     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |  |  |  |  |
| Asn | Pro | Leu | Leu | Tyr | Ala | Phe | Leu | Ser | Arg | Asn | Phe | Arg | Lys | Gly | Met |  |  |  |  |
|     | 610 |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |  |  |  |  |

10

20

30

Lys Glu Leu Leu Leu Cys Ser Trp Lys Lys Gly Lys Gly Lys Ser Ser  
625 630 635 640

Ser Asn Ser Ser Met His His Lys Arg Lys Ala Leu Gln Thr His Ser  
645 650 655

Leu Pro Thr Asp Thr Thr His Ile Gly Asn Glu Gln Leu  
660 665

<210> 19  
<211> 1638  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

10

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1638)  
<223>

<400> 19  
atg aac agg gac aat ctg cag cag tgg tgg gag aac tcg tat cgg cgc 48  
Met Asn Arg Asp Asn Leu Gln Gln Trp Trp Glu Asn Ser Tyr Arg Arg  
1 5 10 15  
caa cat cca gag ccc acc gat gac ctc ggc ctg gac tcc gcg gag ctg 96  
Gln His Pro Glu Pro Thr Asp Asp Leu Gly Leu Asp Ser Ala Glu Leu  
20 25 30  
cat ctc gcc ctc cag gag ccc aac cag ctg ccc gcg gac tac gac tat 144  
His Leu Ala Leu Gln Glu Pro Asn Gln Leu Pro Ala Asp Tyr Asp Tyr  
35 40 45  
ggc aac ttt agt cta ggc aat ccg tat gac gtg gac tca gag cac tcc 192  
Gly Asn Phe Ser Leu Gly Asn Pro Tyr Asp Val Asp Ser Glu His Ser  
50 55 60  
att tcc ccg ctg acg ctg ctc ctg ctc gct gtt agc tat ggc ctg gtg 240  
Ile Ser Pro Leu Thr Leu Leu Leu Ala Val Ser Tyr Gly Leu Val  
65 70 75 80  
gtt ttc ggc ggc gtc gtg ggc aac tcc acg ctc gtt ctg acc ctc tgc 288  
Val Phe Gly Gly Val Val Gly Asn Ser Thr Leu Val Leu Thr Leu Cys  
85 90 95  
tcc gcc tct tcg gtg cgt ttg cgt aac ccg ctg ctg ctg gcc gtc tgc 336  
Ser Ala Ser Ser Val Arg Leu Arg Asn Pro Leu Leu Leu Ala Val Cys  
100 105 110  
att gcc gat ctc ctg gtc acc ggc atc tcc gct ccg gtc acg ctc ctc 384  
Ile Ala Asp Leu Leu Val Thr Gly Ile Ser Ala Pro Val Thr Leu Leu  
115 120 125  
aat ctc gcg atg aac cgg agg acg cga tcg ctg ccc ctt gtg ctg tgc 432  
Asn Leu Ala Met Asn Arg Arg Thr Arg Ser Leu Pro Leu Val Leu Cys  
130 135 140

20

30

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| aag gtc ata cac tac gta cag gtc atg ccc gtt tcg gcc agc act att | 480  |
| Lys Val Ile His Tyr Val Gln Val Met Pro Val Ser Ala Ser Thr Ile |      |
| 145 150 155 160                                                 |      |
| tcg ttt ttc atg ctc tcc ctt gac cgc tac gcc aca gta aag cat ccg | 528  |
| Ser Phe Phe Met Leu Ser Leu Asp Arg Tyr Ala Thr Val Lys His Pro |      |
| 165 170 175                                                     |      |
| cga ttg gcg cag ctt cgc cag cgg cgc tac ttg cac gtc tcc ctg gcg | 576  |
| Arg Leu Ala Gln Leu Arg Gln Arg Arg Tyr Leu His Val Ser Leu Ala |      |
| 180 185 190                                                     |      |
| ctg cta tcc tgg ctc gcc tct gcc gcc atc agc act ccc ttt ctg ttt | 624  |
| Leu Leu Ser Trp Leu Ala Ser Ala Ala Ile Ser Thr Pro Phe Leu Phe |      |
| 195 200 205                                                     |      |
| gcc tac aaa atc atc gcc aag tcg atg gtg gtc aag ggc ggt ggg gcg | 672  |
| Ala Tyr Lys Ile Ile Ala Lys Ser Met Val Val Lys Gly Gly Gly Ala |      |
| 210 215 220                                                     |      |
| gcg aac acc acg cca aac ccg gtc agc atc agc tgc acc tcc gac ctg | 720  |
| Ala Asn Thr Thr Pro Asn Pro Val Ser Ile Ser Cys Thr Ser Asp Leu |      |
| 225 230 235 240                                                 |      |
| ggc gcc aac gcc atg ttc atg tcc ttc atc atc ttc cac acc atc gcc | 768  |
| Gly Ala Asn Ala Met Phe Met Ser Phe Ile Ile Phe His Thr Ile Ala |      |
| 245 250 255                                                     |      |
| gtg ttc gtg ttg cct ggc att ggt gtg cta ctc aac cac tac ggc gtc | 816  |
| Val Phe Val Leu Pro Gly Ile Gly Val Leu Leu Asn His Tyr Gly Val |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| cga cgc aag ctc tgc gcc ctg tcg cta acg gct cga gct gcc cat gga | 864  |
| Arg Arg Lys Leu Cys Ala Leu Ser Leu Thr Ala Arg Ala Ala His Gly |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| gag ctg ccg ctg ccc att ccc atc ctg cga cgc cag acc cac atg gtc | 912  |
| Glu Leu Pro Leu Pro Ile Pro Ile Leu Arg Arg Gln Thr His Met Val |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| att gtg acg ggc tgc ccc aac gcc cag caa gcg gcc tgt ggt ggg ggc | 960  |
| Ile Val Thr Gly Cys Pro Asn Ala Gln Gln Ala Ala Cys Gly Gly Gly |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| acc acg gcg gac gac acc tcg aac ggg aac ggc acg ggc acc ggt ggc | 1008 |
| Thr Thr Ala Asp Asp Thr Ser Asn Gly Asn Gly Thr Gly Thr Gly Gly |      |
| 325 330 335                                                     |      |
| ggt ccc atg gcc gtc agt ccg ggc gac ata cag ctt cac aca ctg cag | 1056 |
| Gly Pro Met Ala Val Ser Pro Gly Asp Ile Gln Leu His Thr Leu Gln |      |
| 340 345 350                                                     |      |
| ccg cgc cag cca ggc tct gcc gga tcg gcc ctc gag ccg ggc tcc tac | 1104 |
| Pro Arg Gln Pro Gly Ser Ala Gly Ser Ala Leu Glu Pro Gly Ser Tyr |      |
| 355 360 365                                                     |      |
| cgc tct agc aat ccc ata tcg ccc agg gcc atg agg gag att cgc gcc | 1152 |
| Arg Ser Ser Asn Pro Ile Ser Pro Arg Ala Met Arg Glu Ile Arg Ala |      |
| 370 375 380                                                     |      |

10

20

30

cac tcg cag cgc cag cgc atc aac cga gca ggc agg gga cca gcg aca 1200  
 His Ser Gln Arg Gln Arg Ile Asn Arg Ala Gly Arg Gly Pro Ala Thr  
 385 390 395 400  
 ccc ggc atc cca ctg ccc caa acc tcc acg ctg cgg tcg cga agg cac 1248  
 Pro Gly Ile Pro Leu Pro Gln Thr Ser Thr Leu Arg Ser Arg Arg His  
 405 410 415  
 ctg gcc aac atg ctc atc gcc tcg gca gtg atc ttc att gcc tgc tgg 1296  
 Leu Ala Asn Met Leu Ile Ala Ser Ala Val Ile Phe Ile Ala Cys Trp  
 420 425 430  
 gca ccg cac gtc ttc tgc atc ttc tac aag aac ttc ggc aac aat cag 1344  
 Ala Pro His Val Phe Cys Ile Phe Tyr Lys Asn Phe Gly Asn Asn Gln  
 435 440 445  
 cag tgc agc cag acc tct gtt tac ttc agc ctt ctg cta ggc tac ttc 1392  
 Gln Cys Ser Gln Thr Ser Val Tyr Phe Ser Leu Leu Leu Gly Tyr Phe  
 450 455 460  
 tac tcg gct atc agt ccg gtg atc tac tgg gcg ctc aac cac aat tcg 1440  
 Tyr Ser Ala Ile Ser Pro Val Ile Tyr Trp Ala Leu Asn His Asn Ser  
 465 470 475 480  
 ctt cga caa tct ccc tgc gcg ccc atc atc cgc ctg cgc tcc atg cag 1488  
 Leu Arg Gln Ser Pro Cys Ala Pro Ile Ile Arg Leu Arg Ser Met Gln  
 485 490 495  
 aac ttc ctg agg tcg cgc ttc ccg acg cac acc gcc ccg ccg cct ccc 1536  
 Asn Phe Leu Arg Ser Arg Phe Arg Thr His Thr Ala Pro Pro Pro Pro  
 500 505 510  
 tcg tcc acc aac gag gcg gca ctg ggg gca ttc aac ccc aag ctg atc 1584  
 Ser Ser Thr Asn Glu Ala Ala Leu Gly Ala Phe Asn Pro Lys Leu Ile  
 515 520 525  
 aag ctg aca ccg aaa cag tat aga gct cag gcc tct tcg cat tat ctc 1632  
 Lys Leu Thr Pro Lys Gln Tyr Arg Ala Gln Ala Ser Ser His Tyr Leu  
 530 535 540  
 tac tag 1638  
 Tyr  
 545

<210> 20  
 <211> 545  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 20

Met Asn Arg Asp Asn Leu Gln Gln Trp Trp Glu Asn Ser Tyr Arg Arg  
 1 5 10 15

Gln His Pro Glu Pro Thr Asp Asp Leu Gly Leu Asp Ser Ala Glu Leu  
 20 25 30

10

20

30



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

10

20

30

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

10

20

30

Asn Phe Leu Arg Ser Arg Phe Arg Thr His Thr Ala Pro Pro Pro Pro  
                   500                                  505                                  510

Ser Ser Thr Asn Glu Ala Ala Leu Gly Ala Phe Asn Pro Lys Leu Ile  
                   515                                  520                                  525

Lys Leu Thr Pro Lys Gln Tyr Arg Ala Gln Ala Ser Ser His Tyr Leu  
                   530                                  535                                  540

Tyr  
 545

<210> 21  
 <211> 1332  
 <212> DNA  
 <213> Drosophila melanogaster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1332)  
 <223>

<400> 21  
 atg gca aaa gta gct gag gag aat gat cat cgt gat cta agt aat tgg 48  
 Met Ala Lys Val Ala Glu Glu Asn Asp His Arg Asp Leu Ser Asn Trp  
 1                  5                                  10                                  15  
 tcg aat gtg aac gac acc aat ggc acc att cac ctg acc aag gat atg 96  
 Ser Asn Val Asn Asp Thr Asn Gly Thr Ile His Leu Thr Lys Asp Met  
                   20                                  25                                  30  
 gtc ttc aat gat ggc cac cga ttg tcc atc acc gtg tac agc ata ctg 144  
 Val Phe Asn Asp Gly His Arg Leu Ser Ile Thr Val Tyr Ser Ile Leu  
                   35                                  40                                  45  
 ttt gtg atc tca aca att ggc aac agc acc gtg ctg tat ctg ctg acc 192  
 Phe Val Ile Ser Thr Ile Gly Asn Ser Thr Val Leu Tyr Leu Leu Thr  
                   50                                  55                                  60  
 aag cgg cga ctg cgc ggt ccc ttg cgt att gat atc atg cta atg cat 240  
 Lys Arg Arg Leu Arg Gly Pro Leu Arg Ile Asp Ile Met Leu Met His  
 65                                  70                                  75                                  80  
 ctg gcc atc gcc gat cta atg gtg acg ctg ctc ctg atg cca atg gag 288  
 Leu Ala Ile Ala Asp Leu Met Val Thr Leu Leu Leu Met Pro Met Glu  
                   85                                  90                                  95  
 atc gtg tgg gcc tgg acg gtg caa tgg cta tcc acg gac ctg atg tgc 336  
 Ile Val Trp Ala Trp Thr Val Gln Trp Leu Ser Thr Asp Leu Met Cys  
                   100                                  105                                  110  
 cgc ctg atg agc ttt ttc cgc gtc ttt ggc ctg tat ctg tcc agc tac 384  
 Arg Leu Met Ser Phe Phe Arg Val Phe Gly Leu Tyr Leu Ser Ser Tyr  
                   115                                  120                                  125

10

20

30

gtg atg gtc tgc ata tcg ctc gac aga tac ttt gcc ata ctg aag ccg 432  
Val Met Val Cys Ile Ser Leu Asp Arg Tyr Phe Ala Ile Leu Lys Pro  
130 135 140

ctc aag cgg tcc tac aac cgg gga cgc atc atg ctg gcc tgc gcc tgg 480  
Leu Lys Arg Ser Tyr Asn Arg Gly Arg Ile Met Leu Ala Cys Ala Trp  
145 150 155 160

ctg gga tca gtc gtc tgc agc att cca cag gcc ttt ctc ttt cat cta 528  
Leu Gly Ser Val Val Cys Ser Ile Pro Gln Ala Phe Leu Phe His Leu  
165 170 175

gag gag cat ccc gcc gtc acc ggc tac ttt caa tgc gtc atc ttc aac 576  
Glu Glu His Pro Ala Val Thr Gly Tyr Phe Gln Cys Val Ile Phe Asn  
180 185 190

tcg ttc agg agt gac ttt gat gag aag ctg tat cag gcg gcc tcc atg 624  
Ser Phe Arg Ser Asp Phe Asp Glu Lys Leu Tyr Gln Ala Ala Ser Met  
195 200 205

tgc agc atg tac gcc ttt ccg ctg atc atg ttc atc tac tgc tac gga 672  
Cys Ser Met Tyr Ala Phe Phe Leu Ile Met Phe Ile Tyr Cys Tyr Gly  
210 215 220

gcc att tac ctg gag atc tat cgg aag agc cag cgc gtc ctc aag gac 720  
Ala Ile Tyr Leu Glu Ile Tyr Arg Lys Ser Gln Arg Val Leu Lys Asp  
225 230 235 240

gtg atc gcc gag cga ttc cgg cgt tcc aac gac gac gtg ctc agc cgg 768  
Val Ile Ala Glu Arg Phe Arg Arg Ser Asn Asp Asp Val Leu Ser Arg  
245 250 255

gcc aag aag cgc acg ctc aaa atg acc atc acg att gtg att gtg ttc 816  
Ala Lys Lys Arg Thr Leu Lys Met Thr Ile Thr Ile Val Ile Val Phe  
260 265 270

atc atc tgc tgg act ccg tac tac acc atc tcc atg tgg tac tgg ctg 864  
Ile Ile Cys Trp Thr Pro Tyr Tyr Thr Ile Ser Met Trp Tyr Trp Leu  
275 280 285

gac aag cac tcc gcg ggc aag atc aac cca ctg ctg cgc aag gcg ctg 912  
Asp Lys His Ser Ala Gly Lys Ile Asn Pro Leu Leu Arg Lys Ala Leu  
290 295 300

ttc atc ttc gcc tcg aca aac tca tgt atg aat cca ttg gtc tac gga 960  
Phe Ile Phe Ala Ser Thr Asn Ser Cys Met Asn Pro Leu Val Tyr Gly  
305 310 315 320

ctc tac aac att cgc ggg cga atg aac aac aac aat ccg tcg gtc aac 1008  
Leu Tyr Asn Ile Arg Gly Arg Met Asn Asn Asn Asn Pro Ser Val Asn  
325 330 335

aac agg cac acc tcg ctg tcc aat cgg ctg gac tcc tcc aat cag ctg 1056  
Asn Arg His Thr Ser Leu Ser Asn Arg Leu Asp Ser Ser Asn Gln Leu  
340 345 350

atg caa aag cag ttg acc aac aac tcg ctg ctg aat gga aga ggc cag 1104  
Met Gln Lys Gln Leu Thr Asn Asn Ser Leu Leu Asn Gly Arg Gly Gln  
355 360 365

10

20

30

gtg atg gca gcc gct gtt tgc gcc acc aca aag ttg gcc aat gtg gtc 1152  
Val Met Ala Ala Ala Val Ser Ala Thr Thr Lys Leu Ala Asn Val Val  
370 375 380

agc ctt aaa ggc act gcc aat ggc aat ggc tca gct gca gcc gcg gga 1200  
Ser Leu Lys Gly Thr Ala Asn Gly Asn Gly Ser Ala Ala Ala Gly  
385 390 395 400

aca gtt cca ata act cct ccg ctg aca gta acc atc gct ccg ctg gcc 1248  
Thr Val Pro Ile Thr Pro Pro Leu Thr Val Thr Ile Ala Pro Leu Ala  
405 410 415

acc gac gac gag gcc aac gat gat tcc tgt ctt agt gcg gtc acc atc 1296  
Thr Asp Asp Glu Ala Asn Asp Asp Ser Cys Leu Ser Ala Val Thr Ile  
420 425 430

agg tgc cag gat caa tcc ccg atc cgc cag aag taa 1332  
Arg Cys Gln Asp Gln Ser Pro Ile Arg Gln Lys  
435 440

<210> 22  
<211> 443  
<212> PRT  
<213> Drosophila melanogaster  
<400> 22

Met Ala Lys Val Ala Glu Glu Asn Asp His Arg Asp Leu Ser Asn Trp  
1 5 10 15

Ser Asn Val Asn Asp Thr Asn Gly Thr Ile His Leu Thr Lys Asp Met  
20 25 30

Val Phe Asn Asp Gly His Arg Leu Ser Ile Thr Val Tyr Ser Ile Leu  
35 40 45

Phe Val Ile Ser Thr Ile Gly Asn Ser Thr Val Leu Tyr Leu Leu Thr  
50 55 60

Lys Arg Arg Leu Arg Gly Pro Leu Arg Ile Asp Ile Met Leu Met His  
65 70 75 80

Leu Ala Ile Ala Asp Leu Met Val Thr Leu Leu Leu Met Pro Met Glu  
85 90 95

Ile Val Trp Ala Trp Thr Val Gln Trp Leu Ser Thr Asp Leu Met Cys  
100 105 110

Arg Leu Met Ser Phe Phe Arg Val Phe Gly Leu Tyr Leu Ser Ser Tyr  
115 120 125

10

20

30

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

10

20

30

355                      360                      365  
 Val Met Ala Ala Ala Val Ser Ala Thr Thr Lys Leu Ala Asn Val Val  
 370                      375                      380  
 Ser Leu Lys Gly Thr Ala Asn Gly Asn Gly Ser Ala Ala Ala Ala Gly  
 385                      390                      395                      400  
 Thr Val Pro Ile Thr Pro Pro Leu Thr Val Thr Ile Ala Pro Leu Ala  
 405                      410                      415  
 Thr Asp Asp Glu Ala Asn Asp Asp Ser Cys Leu Ser Ala Val Thr Ile  
 420                      425                      430  
 Arg Cys Gln Asp Gln Ser Pro Ile Arg Gln Lys  
 435                      440

<210> 23  
 <211> 1434  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1434)  
 <223>

<400> 23  
 atg tac gcc tcc ttg atg gac gtt ggc cag acg ttg gca gcc agg ctg 48  
 Met Tyr Ala Ser Leu Met Asp Val Gly Gln Thr Leu Ala Ala Arg Leu  
 1                      5                      10                      15  
 gcg gat agc gac ggc aac ggg gcc aat gac agc gga ctc ctg gca acc 96  
 Ala Asp Ser Asp Gly Asn Gly Ala Asn Asp Ser Gly Leu Leu Ala Thr  
 20                      25                      30  
 gga caa ggt ctg gag cag gag cag gag ggt ctg gca ctg gat atg ggc 144  
 Gly Gln Gly Leu Glu Gln Glu Gln Glu Gly Leu Ala Leu Asp Met Gly  
 35                      40                      45  
 cac aat gcc agc gcc gac ggc gga ata gta ccg tat gtg ccc gtg ctg 192  
 His Asn Ala Ser Ala Asp Gly Gly Ile Val Pro Tyr Val Pro Val Leu  
 50                      55                      60  
 gac cgc ccg gag acg tac att gtc acc gtg ctg tac acg ctc atc ttc 240  
 Asp Arg Pro Glu Thr Tyr Ile Val Thr Val Leu Tyr Thr Leu Ile Phe  
 65                      70                      75                      80  
 att gtg gga gtt ttg ggc aac ggc acg ctg gtc atc atc ttc ttt cgc 288  
 Ile Val Gly Val Leu Gly Asn Gly Thr Leu Val Ile Ile Phe Phe Arg  
 85                      90                      95  
 cac cgc tcc atg cgc aac ata ccc aac aca tac att ctt tca ctg gcc 336

10

20

30

30



ttt tgc acg agc ttc cta aac tgc tgc gtc aac ccc gtg gcc ctc tac 1056  
Phe Cys Thr Ser Phe Leu Asn Ser Cys Val Asn Pro Val Ala Leu Tyr  
340 345 350

tgc gtg tcc ggg gtg ttt cgg cag cac ttt aat cgc tac ctc tgc tgc 1104  
Cys Val Ser Gly Val Phe Arg Gln His Phe Asn Arg Tyr Leu Cys Cys  
355 360 365

atc tgc gtc aag cgg cag ccg cac ctg cgg cag cac tca acg gcc act 1152  
Ile Cys Val Lys Arg Gln Pro His Leu Arg Gln His Ser Thr Ala Thr  
370 375 380

gga atg atg gac aat acc agt gtg atg tcc atg cgc cgc tcc acg tac 1200  
Gly Met Met Asp Asn Thr Ser Val Met Ser Met Arg Arg Ser Thr Tyr  
385 390 395 400

gtg ggt gga acc gct ggc aat ctg cgg gcc tgc ctg cac cgg aac agc 1248  
Val Gly Gly Thr Ala Gly Asn Leu Arg Ala Ser Leu His Arg Asn Ser  
405 410 415

aat cac gga gtt ggt gga gct gga ggt gga gta gga gga gga gta ggg 1296  
Asn His Gly Val Gly Gly Ala Gly Gly Gly Val Gly Gly Gly Val Gly  
420 425 430

tca ggt cgt gtg ggc agc ttt cat cgg cag gac tgc atg ccc ctg cag 1344  
Ser Gly Arg Val Gly Ser Phe His Arg Gln Asp Ser Met Pro Leu Gln  
435 440 445

cac gga aat gcc cac gga ggt ggt gcg ggc ggg gga tcc tcc gga ctt 1392  
His Gly Asn Ala His Gly Gly Gly Ala Gly Gly Ser Ser Gly Leu  
450 455 460

gga gcc ggc ggg cgg acg gcg gca gtg agc gaa aag agg tga 1434  
Gly Ala Gly Gly Arg Thr Ala Ala Val Ser Glu Lys Arg  
465 470 475

<210> 24

<211> 477

<212> PRT

<213> *Drosophila melanogaster*

<400> 24

Met Tyr Ala Ser Leu Met Asp Val Gly Gln Thr Leu Ala Ala Arg Leu  
1 5 10 15

Ala Asp Ser Asp Gly Asn Gly Ala Asn Asp Ser Gly Leu Leu Ala Thr  
20 25 30

Gly Gln Gly Leu Glu Gln Glu Gln Gly Leu Ala Leu Asp Met Gly  
35 40 45

His Asn Ala Ser Ala Asp Gly Gly Ile Val Pro Tyr Val Pro Val Leu  
50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

Phe Phe Pro Tyr His Val Phe Glu Leu Trp Tyr His Phe Tyr Pro Thr  
305 310 315 320

Ala Glu Glu Asp Phe Asp Glu Phe Trp Asn Val Leu Arg Ile Val Gly  
325 330 335

Phe Cys Thr Ser Phe Leu Asn Ser Cys Val Asn Pro Val Ala Leu Tyr  
340 345 350

Cys Val Ser Gly Val Phe Arg Gln His Phe Asn Arg Tyr Leu Cys Cys  
355 360 365

Ile Cys Val Lys Arg Gln Pro His Leu Arg Gln His Ser Thr Ala Thr  
370 375 380

Gly Met Met Asp Asn Thr Ser Val Met Ser Met Arg Arg Ser Thr Tyr  
385 390 395 400

Val Gly Gly Thr Ala Gly Asn Leu Arg Ala Ser Leu His Arg Asn Ser  
405 410 415

Asn His Gly Val Gly Gly Ala Gly Gly Gly Val Gly Gly Gly Val Gly  
420 425 430

Ser Gly Arg Val Gly Ser Phe His Arg Gln Asp Ser Met Pro Leu Gln  
435 440 445

His Gly Asn Ala His Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ser Ser Gly Leu  
450 455 460

Gly Ala Gly Gly Arg Thr Ala Ala Val Ser Glu Lys Arg  
465 470 475

<210> 25  
<211> 5508  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1), (5508)  
<223>

<400> 25  
atg aaa aac tcc aaa tgt tta cca aat gag cgg cga caa ata cgc gac  
Met Lys Asn Ser Lys Cys Leu Pro Asn Glu Arg Arg Gln Ile Arg Asp

48

10

20

30

| 1                                                               | 5   | 10  | 15  |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|-----|
| caa ttg acg aga tcg tgt gtg ttt ttc tca att aaa cga gca tcg tcc |     |     |     | 96  |
| Gln Leu Thr Arg Ser Cys Val Phe Phe Ser Ile Lys Arg Ala Ser Ser | 20  | 25  | 30  |     |
| ata att agc gcc atc gta gcc agg gag cca aga agc aac caa tgg aac |     |     |     | 144 |
| Ile Ile Ser Ala Ile Val Ala Arg Glu Pro Arg Ser Asn Gln Trp Asn | 35  | 40  | 45  |     |
| atg ttg atg ccg gtg cgg gag tac aac aag cac ata gcc aaa ata cca |     |     |     | 192 |
| Met Leu Met Pro Val Arg Glu Tyr Asn Lys His Ile Ala Lys Ile Pro | 50  | 55  | 60  |     |
| aat tgc aag atg agg cag cgg cca acg ctt aga gcc acc ttc gca tcc |     |     |     | 240 |
| Asn Cys Lys Met Arg Gln Arg Pro Thr Leu Arg Ala Thr Phe Ala Ser | 65  | 70  | 75  | 80  |
| ctg ctg ctg ctc ctt ctc att gcc cag acg ctc gat ctg gcg gct gcc |     |     |     | 288 |
| Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Ala Gln Thr Leu Asp Leu Ala Ala Ala | 85  | 90  | 95  |     |
| agt gga tca gcc gga agt ggt gcc gca gcg gcc gga gct gca ggt cct |     |     |     | 336 |
| Ser Gly Ser Ala Gly Ser Gly Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Pro | 100 | 105 | 110 |     |
| gcc gcg tcc ggt ggc gcg ggt ggc ggg agt ctg agc agt gga gcc ccc |     |     |     | 384 |
| Ala Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ser Leu Ser Ser Gly Ala Pro | 115 | 120 | 125 |     |
| act ctc att gcc aat ctc acg gaa caa ggc agt ccc gtg tcc aag tac |     |     |     | 432 |
| Thr Leu Ile Ala Asn Leu Thr Glu Gln Gly Ser Pro Val Ser Lys Tyr | 130 | 135 | 140 |     |
| caa acc gcc tac gcc tgc gaa ggt aag aaa ctg acc atc gag tgc gat |     |     |     | 480 |
| Gln Thr Ala Tyr Ala Cys Glu Gly Lys Lys Leu Thr Ile Glu Cys Asp | 145 | 150 | 155 | 160 |
| ccc ggc gat gtg atc aac ctc att cgg gcc aac tat ggc cgc ttc tcg |     |     |     | 528 |
| Pro Gly Asp Val Ile Asn Leu Ile Arg Ala Asn Tyr Gly Arg Phe Ser | 165 | 170 | 175 |     |
| att acc atc tgc aat gac cac ggg aat gtg gag tgg agt gtt aac tgc |     |     |     | 576 |
| Ile Thr Ile Cys Asn Asp His Gly Asn Val Glu Trp Ser Val Asn Cys | 180 | 185 | 190 |     |
| atg ttt ccc aag tca ctc agc gta ctg aac tca aga tgt gcc cac aag |     |     |     | 624 |
| Met Phe Pro Lys Ser Leu Ser Val Leu Asn Ser Arg Cys Ala His Lys | 195 | 200 | 205 |     |
| cag agc tgc ggc gtg ttg gca gcc acg agc atg ttc ggg gat ccc tgt |     |     |     | 672 |
| Gln Ser Cys Gly Val Leu Ala Ala Thr Ser Met Phe Gly Asp Pro Cys | 210 | 215 | 220 |     |
| ccc ggt acc cac aag tat ctg gag gca cac tac cag tgc ata agt gca |     |     |     | 720 |
| Pro Gly Thr His Lys Tyr Leu Glu Ala His Tyr Gln Cys Ile Ser Ala | 225 | 230 | 235 | 240 |
| gcc caa act tcg acg acg acc aac agg ccc agt ccg ccg cca tgg gtg |     |     |     | 768 |

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Ala | Gln | Thr | Ser | Thr | Thr | Thr | Asn | Arg | Pro | Ser | Pro | Pro | Pro | Trp | Val |      |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |  |
| ctg | agc | aat | ggg | ccg | ccg | atc | ttt | ggc | aac | ggc | agt | gga | ctg | atc | cat | 816  |  |
| Leu | Ser | Asn | Gly | Pro | Pro | Ile | Phe | Gly | Asn | Gly | Ser | Gly | Leu | Ile | His |      |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |  |
| ccg | ccc | ggg | gtt | gga | gcg | ggg | gcg | ccg | ccc | ccg | ccg | aga | ctt | ccc | aca | 864  |  |
| Pro | Pro | Gly | Val | Gly | Ala | Gly | Ala | Pro | Pro | Pro | Pro | Arg | Leu | Pro | Thr |      |  |
|     |     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |  |
| ctt | ccc | gga | gtg | gtg | gga | atc | agt | ggg | aat | ccc | ggc | ctg | ttc | aac | gta | 912  |  |
| Leu | Pro | Gly | Val | Val | Gly | Ile | Ser | Gly | Asn | Pro | Gly | Leu | Phe | Asn | Val |      |  |
|     |     |     | 290 |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |  |
| cca | ccg | caa | cac | acc | gcc | gtc | acg | cac | tcc | acg | ccc | tcg | agc | agc | acg | 960  |  |
| Pro | Pro | Gln | His | Thr | Ala | Val | Thr | His | Ser | Thr | Pro | Ser | Ser | Ser | Thr |      |  |
|     |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |      |  |
| aca | gcc | gtg | ggc | ggg | gga | cgt | ttg | aag | ggg | ggc | acc | tcc | acg | acg |     | 1008 |  |
| Thr | Ala | Val | Gly | Gly | Gly | Arg | Leu | Lys | Gly | Gly | Ala | Thr | Ser | Thr | Thr |      |  |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |     |      |  |
| acc | acc | aag | cat | ccg | gct | ggc | cgc | cat | gat | ggg | ctg | cca | ccg | ccg | ccg | 1056 |  |
| Thr | Thr | Lys | His | Pro | Ala | Gly | Arg | His | Asp | Gly | Leu | Pro | Pro | Pro | Pro |      |  |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |  |
| caa | ctg | cac | cac | cac | cac | aac | cac | cac | ggg | gaa | gac | act | gcc | tca | ccc | 1104 |  |
| Gln | Leu | His | His | His | His | Asn | His | His | Gly | Glu | Asp | Thr | Ala | Ser | Pro |      |  |
|     |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |  |
| acc | aag | ccg | agc | agc | aag | ctg | ccg | gct | ggc | ggg | aat | gcc | act | tca | cca | 1152 |  |
| Thr | Lys | Pro | Ser | Ser | Lys | Leu | Pro | Ala | Gly | Gly | Asn | Ala | Thr | Ser | Pro |      |  |
|     |     |     | 370 |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |  |
| tcc | aac | acg | agg | ata | ctc | acg | ggc | gtc | gga | ggg | tcc | gga | act | gat | gac | 1200 |  |
| Ser | Asn | Thr | Arg | Ile | Leu | Thr | Gly | Val | Gly | Gly | Ser | Gly | Thr | Asp | Asp |      |  |
|     |     |     |     |     | 390 |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |     |      |  |
| gga | acc | cta | ctg | acc | aca | aag | agc | tca | ccc | aac | cgc | cca | ccg | ggc | act | 1248 |  |
| Gly | Thr | Leu | Leu | Thr | Thr | Lys | Ser | Ser | Pro | Asn | Arg | Pro | Pro | Gly | Thr |      |  |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |      |  |
| gcg | gcc | agt | gga | tcc | gtt | gtc | ccc | ggg | aac | ggc | agc | gtg | gtg | cgc | acc | 1296 |  |
| Ala | Ala | Ser | Gly | Ser | Val | Val | Pro | Gly | Asn | Gly | Ser | Val | Val | Arg | Thr |      |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     | 430 |     |     |     |      |  |
| atc | aac | aat | att | aat | ttg | aac | gca | gcc | ggg | atg | tcc | gga | ggc | gat | gat | 1344 |  |
| Ile | Asn | Asn | Ile | Asn | Leu | Asn | Ala | Ala | Gly | Met | Ser | Gly | Gly | Asp | Asp |      |  |
|     |     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |  |
| gag | tcc | aag | ttg | ttt | tgc | ggc | ccc | act | cat | gcc | cgc | aat | ttg | tac | tgg | 1392 |  |
| Glu | Ser | Lys | Leu | Phe | Cys | Gly | Pro | Thr | His | Ala | Arg | Asn | Leu | Tyr | Trp |      |  |
|     |     |     | 450 |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |  |
| aac | atg | act | cga | gtg | ggg | gat | gtg | aat | gtt | cag | ccc | tgt | cct | ggc | gga | 1440 |  |
| Asn | Met | Thr | Arg | Val | Gly | Asp | Val | Asn | Val | Gln | Pro | Cys | Pro | Gly | Gly |      |  |
|     |     |     |     |     | 470 |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |     |      |  |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| gca gcc ggc atc gcc aag tgg cgt tgc gtt cta atg aag agg ata ccc<br>Ala Ala Gly Ile Ala Lys Trp Arg Cys Val Leu Met Lys Arg Ile Pro<br>485 490 495     | 1488 |
| gac tcc ggc tac gat gag tac gat gat gac atc agt tcc aca act ccg<br>Asp Ser Gly Tyr Asp Glu Tyr Asp Asp Asp Ile Ser Ser Thr Thr Pro<br>500 505 510     | 1536 |
| gca ccc agc ggt ggc gac tgt ctg cac aac agc agc agc tgc gag ccg<br>Ala Pro Ser Gly Gly Asp Cys Leu His Asn Ser Ser Ser Cys Glu Pro<br>515 520 525     | 1584 |
| ccg gtg agc atg gcc cac aag gta aac cag cgt ctg cgc aac ttt gat<br>Pro Val Ser Met Ala His Lys Val Asn Gln Arg Leu Arg Asn Phe Asp<br>530 535 540     | 1632 |
| ccc acc tgg cat ccc gcg aca cct gat ctg acg caa tgc cgc agc ctt<br>Pro Thr Trp His Pro Ala Thr Pro Asp Leu Thr Gln Cys Arg Ser Leu<br>545 550 555 560 | 1680 |
| tgg ctc aac aat ctg gaa atg cga gta aac cag cgg gac tcc tcc ttg<br>Trp Leu Asn Asn Leu Glu Met Arg Val Asn Gln Arg Asp Ser Ser Leu<br>565 570 575     | 1728 |
| atc tcc atc gcc aac gat atg tcc gaa gtg acc agt agc aaa acg ctc<br>Ile Ser Ile Ala Asn Asp Met Ser Glu Val Thr Ser Ser Lys Thr Leu<br>580 585 590     | 1776 |
| tac ggc ggc gac atg ttg gtc acc acg aag att atc caa aca gtg tcc<br>Tyr Gly Gly Asp Met Leu Val Thr Thr Lys Ile Ile Gln Thr Val Ser<br>595 600 605     | 1824 |
| gag aag atg atg cac gac aag gag acc ttc ccg gat cag cga cag cgc<br>Glu Lys Met Met His Asp Lys Glu Thr Phe Pro Asp Gln Arg Gln Arg<br>610 615 620     | 1872 |
| gag gct atg atc atg gag ttg ttg cat tgt gtg gtc aaa acc ggc tcc<br>Glu Ala Met Ile Met Glu Leu Leu His Cys Val Val Lys Thr Gly Ser<br>625 630 635 640 | 1920 |
| aac ctg ctg gac gaa tcc cag ctg tcc tcc tgg ttg gat ctc aat ccg<br>Asn Leu Leu Asp Glu Ser Gln Leu Ser Ser Trp Leu Asp Leu Asn Pro<br>645 650 655     | 1968 |
| gag gac caa atg cgt gta gcc aca tcc ttg cta act ggc ctg gaa tac<br>Glu Asp Gln Met Arg Val Ala Thr Ser Leu Leu Thr Gly Leu Glu Tyr<br>660 665 670     | 2016 |
| aat gcc ttt ctg ctg gcg gat acg atc atc agg gag cgc agc gtg gtg<br>Asn Ala Phe Leu Leu Ala Asp Thr Ile Ile Arg Glu Arg Ser Val Val<br>675 680 685     | 2064 |
| caa aaa gtc aaa aat ata ttg ctc tcc gtt cga gtg ctg gaa acc aag<br>Gln Lys Val Lys Asn Ile Leu Leu Ser Val Arg Val Leu Glu Thr Lys<br>690 695 700     | 2112 |
| act atc cag tcc agc gtg gtc ttc cca gat tcc gat cag tgg ccc ttg<br>Thr Ile Gln Ser Ser Val Val Phe Pro Asp Ser Asp Gln Trp Pro Leu<br>705 710 715 720 | 2160 |

10

20

30

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| agt tgg gat cgt att gag ctg cca cga gct gct cta ata gat aat agt | 2208 |
| Ser Ser Asp Arg Ile Glu Leu Pro Arg Ala Ala Leu Ile Asp Asn Ser |      |
| 725 730 735                                                     |      |
| gaa ggc ggt ctg gtg cga att gta ttc gcc gcc ttc gat cgc ctg gaa | 2256 |
| Glu Gly Gly Leu Val Arg Ile Val Phe Ala Ala Phe Asp Arg Leu Glu |      |
| 740 745 750                                                     |      |
| tcc att cta aag ccc agc tat gat cac ttc gat ctc aag agc tcc cgc | 2304 |
| Ser Ile Leu Lys Pro Ser Tyr Asp His Phe Asp Leu Lys Ser Ser Arg |      |
| 755 760 765                                                     |      |
| agt tac gtt cgc aat aca gcc atc ctg agc aac gac agc gat gtc aac | 2352 |
| Ser Tyr Val Arg Asn Thr Ala Ile Leu Ser Asn Asp Ser Asp Val Asn |      |
| 770 775 780                                                     |      |
| gcg ggg gag atc caa cag cgc cta cgc atc ctg aac agc aag gtg atc | 2400 |
| Ala Gly Glu Ile Gln Gln Arg Leu Arg Ile Leu Asn Ser Lys Val Ile |      |
| 785 790 795 800                                                 |      |
| tcg gcc agc ttg ggc aag ggg cgt cac ata caa ctc tcc cag ccc ata | 2448 |
| Ser Ala Ser Leu Lys Gly Arg His Ile Gln Leu Ser Gln Pro Ile     |      |
| 805 810 815                                                     |      |
| acc ctg aca ctg aaa cat ctg aag acc gag aat gta acg aat ccc acc | 2496 |
| Thr Leu Thr Leu Lys His Leu Lys Thr Glu Asn Val Thr Asn Pro Thr |      |
| 820 825 830                                                     |      |
| tgc gtg ttc tgg aac tat att gac cat gcg tgg tct gcc aac gga tgc | 2544 |
| Cys Val Phe Trp Asn Tyr Ile Asp His Ala Trp Ser Ala Asn Gly Cys |      |
| 835 840 845                                                     |      |
| agt ctg gag tcc act aac cgc acg cac agc gtc tgc agt tgc aac cac | 2592 |
| Ser Leu Glu Ser Thr Asn Arg Thr His Ser Val Cys Ser Cys Asn His |      |
| 850 855 860                                                     |      |
| ctg aca aac ttt gcc ata cta atg gac gtt gtg gat gag cac cag cat | 2640 |
| Leu Thr Asn Phe Ala Ile Leu Met Asp Val Val Asp Glu His Gln His |      |
| 865 870 875 880                                                 |      |
| tcg ttg ttc acc atg ttc gat gga aac atg cgc ata ttc atc tac ata | 2688 |
| Ser Leu Phe Thr Met Phe Asp Gly Asn Met Arg Ile Phe Ile Tyr Ile |      |
| 885 890 895                                                     |      |
| agc atc ggc atc tgc gtg gtc ttc ata gtt atc gcc ctg cta acg ctg | 2736 |
| Ser Ile Gly Ile Cys Val Val Phe Ile Val Ile Ala Leu Leu Thr Leu |      |
| 900 905 910                                                     |      |
| aag ctg ttc aat ggg gtc ttt gtg aag tcc gcg cgc acc tgg atc tat | 2784 |
| Lys Leu Phe Asn Gly Val Phe Val Lys Ser Ala Arg Thr Ser Ile Tyr |      |
| 915 920 925                                                     |      |
| acc agc att tac ctt tgc ctc ctg gcc atc gag ctg ctc ttt ctc ctg | 2832 |
| Thr Ser Ile Tyr Leu Cys Leu Leu Ala Ile Glu Leu Leu Phe Leu Leu |      |
| 930 935 940                                                     |      |
| ggc att gaa cag acc gaa aca agc att ttc tgc ggc ttc att act att | 2880 |
| Gly Ile Glu Gln Thr Glu Thr Ser Ile Phe Cys Gly Phe Ile Thr Ile |      |

10

20

30

| 945                                                             | 950  | 955  | 960  |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|------|------|------|
| ttc cta cac tgt gcc atc cta tcg ggc acc gcc tgg ttc tgt tac gaa |      |      |      | 2928 |
| Phe Leu His Cys Ala Ile Leu Ser Gly Thr Ala Trp Phe Cys Tyr Glu | 965  | 970  | 975  |      |
| gcc ttc cat tcg tac tca acg ctc acc tcg gac gag ctc ctg atg gag |      |      |      | 2976 |
| Ala Phe His Ser Tyr Ser Thr Leu Thr Ser Asp Glu Leu Leu Met Glu | 980  | 985  | 990  |      |
| gtg gac cag acg ccc aag gtg aac tgc tac tac ctc ttg tcc tac gga |      |      |      | 3024 |
| Val Asp Gln Thr Pro Lys Val Asn Cys Tyr Tyr Leu Leu Ser Tyr Gly | 995  | 1000 | 1005 |      |
| ctg tcg ctg agt gtg gtg gcc atc tcg ctg gtc atc gat ccc agc     |      |      |      | 3069 |
| Leu Ser Leu Ser Val Val Ala Ile Ser Leu Val Ile Asp Pro Ser     | 1010 | 1015 | 1020 |      |
| acc tat acc caa aac gat tat tgc gtg ctg atg gag gcg aat gcc     |      |      |      | 3114 |
| Thr Tyr Thr Gln Asn Asp Tyr Cys Val Leu Met Glu Ala Asn Ala     | 1025 | 1030 | 1035 |      |
| ttg ttt tat gcc acc ttt gta ata cca gtg ctt gtc ttc ttt gtg     |      |      |      | 3159 |
| Leu Phe Tyr Ala Thr Phe Val Ile Pro Val Leu Val Phe Phe Val     | 1040 | 1045 | 1050 |      |
| gct gcc att ggt tac aca ttc ctc tcc tgg att ata atg tgc cgc     |      |      |      | 3204 |
| Ala Ala Ile Gly Tyr Thr Phe Leu Ser Trp Ile Ile Met Cys Arg     | 1055 | 1060 | 1065 |      |
| aaa agt cgc acg ggt cta aag acc aag gaa cat act cgc ctc gct     |      |      |      | 3249 |
| Lys Ser Arg Thr Gly Leu Lys Thr Lys Glu His Thr Arg Leu Ala     | 1070 | 1075 | 1080 |      |
| agc gtg cgg ttc gac ata cgc tgc tcc ttt gtg ttc ctc ttg ctg     |      |      |      | 3294 |
| Ser Val Arg Phe Asp Ile Arg Cys Ser Phe Val Phe Leu Leu Leu     | 1085 | 1090 | 1095 |      |
| ctc agc gct gtt tgg tgc tcg gcc tac ttc tat ttg cga gga gcc     |      |      |      | 3339 |
| Leu Ser Ala Val Trp Cys Ser Ala Tyr Phe Tyr Leu Arg Gly Ala     | 1100 | 1105 | 1110 |      |
| aaa atg gac gat gac acg gct gat gtg tat gga tac tgc ttc atc     |      |      |      | 3384 |
| Lys Met Asp Asp Asp Thr Ala Asp Val Tyr Gly Tyr Cys Phe Ile     | 1115 | 1120 | 1125 |      |
| tgc ttc aac aca ttg ctg ggg ctc tat atc ttc gtg ttc cat tgc     |      |      |      | 3429 |
| Cys Phe Asn Thr Leu Leu Gly Leu Tyr Ile Phe Val Phe His Cys     | 1130 | 1135 | 1140 |      |
| att caa aac gaa aag atc cgg cgg gag tat cgg aag tat gtg aga     |      |      |      | 3474 |
| Ile Gln Asn Glu Lys Ile Arg Arg Glu Tyr Arg Lys Tyr Val Arg     | 1145 | 1150 | 1155 |      |
| cag cac gct tgg ctg ccc aag tgc ttg cgc tgc tcg aaa aca tca     |      |      |      | 3519 |
| Gln His Ala Trp Leu Pro Lys Cys Leu Arg Cys Ser Lys Thr Ser     | 1160 | 1165 | 1170 |      |
| att tcc tcg ggc att gtt acc ggc aat gga ccc aca gcc gga acc     |      |      |      | 3564 |

10

20

30



|                            |                                                    |                                                    |                                    |      |
|----------------------------|----------------------------------------------------|----------------------------------------------------|------------------------------------|------|
| Ile Ser<br>1175            | Ser Gly Ile Val Thr<br>1180                        | Gly Asn Gly Pro Thr<br>1185                        | Ala Gly Thr                        |      |
| ctt tgc<br>Leu Cys<br>1190 | agc gtc tcc acg tcc<br>Ser Val Ser Thr<br>1195     | aag aag ccc aag<br>Lys Lys Pro Lys<br>1200         | ctg ccg tta gga<br>Leu Pro Leu Gly | 3609 |
| gtg agc<br>Val Ser<br>1205 | gaa gag gcg cat gac<br>Glu Glu Ala His Asp<br>1210 | gat ccc cag cag<br>Asp Pro Gln Gln<br>1215         | caa cag cag aca<br>Gln Gln Thr     | 3654 |
| cca gtg<br>Pro Val<br>1220 | ccc atc aca gag gat<br>Pro Ile Thr Glu Asp<br>1225 | gcc att atg gga<br>Ala Ile Met Gly<br>1230         | acc tct gat<br>Thr Ser Asp         | 3699 |
| tgt gaa<br>Cys Glu<br>1235 | ctg aac gag gcc cag<br>Leu Asn Glu Ala Gln<br>1240 | caa aga aga acc<br>Gln Arg Arg Thr<br>1245         | ctg aaa agt ggg<br>Leu Lys Ser Gly | 3744 |
| cta atg<br>Leu Met<br>1250 | aca ggc aca cta cag<br>Thr Gly Thr Leu Gln<br>1255 | gct cca ccg cag<br>Ala Pro Pro Gln<br>1260         | acc ctt ggt ggc<br>Thr Leu Gly Gly | 3789 |
| cat gtt<br>His Val<br>1265 | gtg ctc gaa aga ggt<br>Val Leu Glu Arg Gly<br>1270 | agc act ctc cgc<br>Ser Thr Leu Arg<br>1275         | tcc act ggt cat<br>Ser Thr Gly His | 3834 |
| gcc tca<br>Ala Ser<br>1280 | ccc acc agc tct gcc<br>Pro Thr Ser Ser<br>1285     | ggg tcc aca cac<br>Gly Ser Thr His<br>1290         | ctg att ttt gcg<br>Leu Ile Phe Ala | 3879 |
| cac aag<br>His Lys<br>1295 | caa caa caa cag cag<br>Gln Gln Gln Gln<br>1300     | cag caa cag gga<br>Gln Gln Gln Gly<br>1305         | cct ttg ggc gag<br>Pro Leu Gly Glu | 3924 |
| tct tac<br>Ser Tyr<br>1310 | tac cat cag ccg gac<br>Tyr His Gln Pro Asp<br>1315 | tac tac agc tgg aag<br>Tyr Tyr Ser Trp Lys<br>1320 | caa cca tca<br>Gln Pro Ser         | 3969 |
| act gga<br>Thr Gly<br>1325 | aca gga gga ttg aaa<br>Thr Gly Gly Leu Lys<br>1330 | aca ccg cgg gag<br>Thr Pro Arg Glu<br>1335         | tac tac aat aat<br>Tyr Tyr Asn Asn | 4014 |
| gcg ggt<br>Ala Gly<br>1340 | gct gct gca tca tcg<br>Ala Ala Ala Ser<br>1345     | ccg caa cag gcg<br>Pro Gln Gln Ala<br>1350         | cac gag gta ttc<br>His Glu Val Phe | 4059 |
| tac tgg<br>Tyr Trp<br>1355 | act caa aag ccg aac<br>Thr Gln Lys Pro Asn<br>1360 | agc ggc cac aat<br>Ser Gly His Asn<br>1365         | ggc aaa aag aag<br>Gly Lys Lys Lys | 4104 |
| agg ggc<br>Arg Gly<br>1370 | gcc gga gga gtt ccc<br>Ala Gly Gly Val Pro<br>1375 | gcc tcg cct agt<br>Ala Ser Pro Ser<br>1380         | gga tct ctg cac<br>Gly Ser Leu His | 4149 |
| agt cgc<br>Ser Arg<br>1385 | acg gcc gcc gcc tcc<br>Thr Ala Ala Ala Ser<br>1390 | cag gtg ctt ttc tat<br>Gln Val Leu Phe Tyr<br>1395 | cca tcg tac<br>Pro Ser Tyr         | 4194 |

10

20

30

|                                                                                                                                              |      |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| aag aag acc aag cct ggc cag cca aca ggc tat ccg caa tac gcg<br>Lys Lys Thr Lys Pro Gly Gln Pro Thr Gly Tyr Pro Gln Tyr Ala<br>1400 1405 1410 | 4239 |
| gag gcg ttg gac cca cca cta gcc act ggc aat gcg gct gcc tac<br>Glu Ala Leu Asp Pro Pro Leu Ala Thr Gly Asn Ala Ala Ala Tyr<br>1415 1420 1425 | 4284 |
| tac cag cag cag caa cag ttg cgt cgc cag cag cta cat cag cag<br>Tyr Gln Gln Gln Gln Gln Leu Arg Arg Gln Gln Leu His Gln Gln<br>1430 1435 1440 | 4329 |
| cag caa cag cag cag cag cag caa ctc tcc tcg gac gag gag cag<br>Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Leu Ser Ser Asp Glu Glu Gln<br>1445 1450 1455 | 4374 |
| gcc gag caa cat gct cac ctg ttg cac ctg caa cga cga gct ggt<br>Ala Glu Gln His Ala His Leu Leu His Leu Gln Arg Arg Ala Gly<br>1460 1465 1470 | 4419 |
| agc cag cag cag ctc cct gct cca ccg cca cac atg gcg cag tac<br>Ser Gln Gln Gln Leu Pro Ala Pro Pro Pro His Met Ala Gln Tyr<br>1475 1480 1485 | 4464 |
| cag cag gag ttt atg cag cgc cag tat aga aat aag cat tcc aac<br>Gln Gln Glu Phe Met Gln Arg Gln Tyr Arg Asn Lys His Ser Asn<br>1490 1495 1500 | 4509 |
| tgt gat ctg ggc atg ggc gat gcc tac tac aac caa ggc agc gtc<br>Cys Asp Leu Gly Met Gly Asp Ala Tyr Tyr Asn Gln Gly Ser Val<br>1505 1510 1515 | 4554 |
| ggc ggc gcg gat ggt ggg ccg gtc tac gag gag atc ctc agc aac<br>Gly Gly Ala Asp Gly Gly Pro Val Tyr Glu Glu Ile Leu Ser Asn<br>1520 1525 1530 | 4599 |
| cgc aac tcg gat gtg cag cat tac gag gtg ggt gac ttc gat gtg<br>Arg Asn Ser Asp Val Gln His Tyr Glu Val Gly Asp Phe Asp Val<br>1535 1540 1545 | 4644 |
| gac gag gtg tac aac aat agc gtt ggc act ggc gtc ttc aac aac<br>Asp Glu Val Tyr Asn Asn Ser Val Gly Thr Gly Val Phe Asn Asn<br>1550 1555 1560 | 4689 |
| atg aga gcg gcg gtg gcc gcc gcc ggt agt cgg tac ggc ggc gga<br>Met Arg Ala Ala Val Ala Ala Gly Gly Ser Arg Tyr Gly Gly Gly<br>1565 1570 1575 | 4734 |
| agc ctg agt ggc ggc agt gtc tcg tcc agg agc caa cag cag cag<br>Ser Leu Ser Gly Gly Ser Val Ser Ser Arg Ser Gln Gln Gln Gln<br>1580 1585 1590 | 4779 |
| ctc aag aat cag cag caa caa cag tcg ctg gct cag caa aga tcg<br>Leu Lys Asn Gln Gln Gln Gln Gln Ser Leu Ala Gln Gln Arg Ser<br>1595 1600 1605 | 4824 |
| gct cga cgc tgc acg gcg gat gac gat gac gac gaa gac gag gag<br>Ala Arg Arg Cys Thr Ala Asp Asp Asp Asp Glu Asp Glu Glu<br>1610 1615 1620     | 4869 |

10

20

30

|                            |                                                    |                                                    |                                    |      |
|----------------------------|----------------------------------------------------|----------------------------------------------------|------------------------------------|------|
| gag gat<br>Glu Asp<br>1625 | gag gag gca acg gcc<br>Glu Glu Ala Thr Ala<br>1630 | gag gag caa ttg cac<br>Ala Glu Gln Leu His<br>1635 | gac agc gtc<br>Asp Ser Val         | 4914 |
| tgt gat<br>Cys Asp<br>1640 | gag gat gag gag gag<br>Glu Asp Glu Glu Glu<br>1645 | gac gag agc gac<br>Asp Glu Ser Asp<br>1650         | ttg gag gat gat<br>Leu Glu Asp Asp | 4959 |
| gct cat<br>Ala His<br>1655 | gga ttg cca ccg cag<br>Gly Leu Pro Pro Gln<br>1660 | agc gat gag cgg atg<br>Ser Asp Glu Arg Met<br>1665 | cgt cgt ctg<br>Arg Arg Leu         | 5004 |
| atg gcg<br>Met Ala<br>1670 | atg cag gac gag gat<br>Met Gln Asp Glu Asp<br>1675 | ttt aag cgg cgg ttt<br>Phe Lys Arg Arg Phe<br>1680 | caa cgt cag<br>Gln Arg Gln         | 5049 |
| ctg cgc<br>Leu Arg<br>1685 | aag cat gga gcg ccc<br>Lys His Gly Ala Pro<br>1690 | ctt gac tac ggg gct<br>Leu Asp Tyr Gly Ala<br>1695 | ctg cca cca<br>Leu Pro Pro         | 5094 |
| gga gca<br>Gly Ala<br>1700 | ggt ccg caa ccc gag<br>Gly Pro Gln Pro Gln<br>1705 | cac aac ggt gcg gtt<br>His Asn Gly Ala Val<br>1710 | ttt ggg gtt<br>Phe Gly Val         | 5139 |
| agc ggc<br>Ser Gly<br>1715 | ggc gtt ggt gag ggc<br>Gly Val Gly Glu Gly<br>1720 | tcc atg cgt ggc gca<br>Ser Met Arg Gly Ala<br>1725 | ttc cgg cag<br>Phe Arg Gln         | 5184 |
| cag cag<br>Gln Gln<br>1730 | cag caa gca ctg aat<br>Gln Gln Ala Leu Asn<br>1735 | gcc aag tcg cca ggc<br>Ala Lys Ser Pro Gly<br>1740 | ggc cgt ttg<br>Gly Arg Leu         | 5229 |
| gcg gta<br>Ala Val<br>1745 | aat gag cta ttc ggt<br>Asn Glu Leu Phe Gly<br>1750 | cac ggc aac tcg gga<br>His Gly Asn Ser Gly<br>1755 | cca ccg ctg<br>Pro Pro Leu         | 5274 |
| ccg ccg<br>Pro Pro<br>1760 | gcg aat cag acg ccc<br>Ala Asn Gln Thr Pro<br>1765 | gcg cag aag cgc cag<br>Ala Gln Lys Arg Gln<br>1770 | cag cta cag<br>Gln Leu Gln         | 5319 |
| aaa ctg<br>Lys Leu<br>1775 | tca cca cag tcc acc<br>Ser Pro Gln Ser Thr<br>1780 | aca tca tcg tcg tcg<br>Thr Ser Ser Ser Ser<br>1785 | cat aca tca<br>His Thr Ser         | 5364 |
| cac agc<br>His Ser<br>1790 | aat ccc aat ccg cat<br>Asn Pro Asn Pro His<br>1795 | ccc cac cag cta acc<br>Pro His Gln Leu Thr<br>1800 | cat ccg cat<br>His Pro His         | 5409 |
| ccc cat<br>Pro His<br>1805 | cag cat cct ccg cac<br>Gln His Pro Pro His<br>1810 | cat cag cag cgc cac<br>His Gln Gln Arg His<br>1815 | ctg tcg gcc<br>Leu Ser Ala         | 5454 |
| atg ctc<br>Met Leu<br>1820 | gat gag aac aac acg<br>Asp Glu Asn Asn Thr<br>1825 | gtg cga tgt tat ctg<br>Val Arg Cys Tyr Leu<br>1830 | gaa cca ctg<br>Glu Pro Leu         | 5499 |
| gct aag<br>Ala Lys         | tga                                                |                                                    |                                    | 5508 |

10

20

30

1835

&lt;210&gt; 26

&lt;211&gt; 1835

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Drosophila melanogaster

&lt;400&gt; 26

Met Lys Asn Ser Lys Cys Leu Pro Asn Glu Arg Arg Gln Ile Arg Asp  
 1 5 10 15

Gln Leu Thr Arg Ser Cys Val Phe Phe Ser Ile Lys Arg Ala Ser Ser  
 20 25 30

Ile Ile Ser Ala Ile Val Ala Arg Glu Pro Arg Ser Asn Gln Trp Asn  
 35 40 45

Met Leu Met Pro Val Arg Glu Tyr Asn Lys His Ile Ala Lys Ile Pro  
 50 55 60

Asn Cys Lys Met Arg Gln Arg Pro Thr Leu Arg Ala Thr Phe Ala Ser  
 65 70 75 80

Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ile Ala Gln Thr Leu Asp Leu Ala Ala Ala  
 85 90 95

Ser Gly Ser Ala Gly Ser Gly Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Pro  
 100 105 110

Ala Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ser Leu Ser Ser Gly Ala Pro  
 115 120 125

Thr Leu Ile Ala Asn Leu Thr Glu Gln Gly Ser Pro Val Ser Lys Tyr  
 130 135 140

Gln Thr Ala Tyr Ala Cys Glu Gly Lys Lys Leu Thr Ile Glu Cys Asp  
 145 150 155 160

Pro Gly Asp Val Ile Asn Leu Ile Arg Ala Asn Tyr Gly Arg Phe Ser  
 165 170 175

Ile Thr Ile Cys Asn Asp His Gly Asn Val Glu Trp Ser Val Asn Cys  
 180 185 190

Met Phe Pro Lys Ser Leu Ser Val Leu Asn Ser Arg Cys Ala His Lys

10

20

30

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Gln Ser Cys Gly Val Leu Ala Ala Thr Ser Met Phe Gly Asp Pro Cys |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Pro Gly Thr His Lys Tyr Leu Glu Ala His Tyr Gln Cys Ile Ser Ala |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 |
| Ala Gln Thr Ser Thr Thr Thr Asn Arg Pro Ser Pro Pro Pro Trp Val |     |     |
|                                                                 | 245 | 250 |
| Leu Ser Asn Gly Pro Pro Ile Phe Gly Asn Gly Ser Gly Leu Ile His |     |     |
|                                                                 | 260 | 265 |
| Pro Pro Gly Val Gly Ala Gly Ala Pro Pro Pro Pro Arg Leu Pro Thr |     |     |
|                                                                 | 275 | 280 |
| Leu Pro Gly Val Val Gly Ile Ser Gly Asn Pro Gly Leu Phe Asn Val |     |     |
|                                                                 | 290 | 295 |
| Pro Pro Gln His Thr Ala Val Thr His Ser Thr Pro Ser Ser Ser Thr |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 |
| Thr Ala Val Gly Gly Gly Arg Leu Lys Gly Gly Ala Thr Ser Thr Thr |     |     |
|                                                                 | 325 | 330 |
| Thr Thr Lys His Pro Ala Gly Arg His Asp Gly Leu Pro Pro Pro Pro |     |     |
|                                                                 | 340 | 345 |
| Gln Leu His His His His Asn His His Gly Glu Asp Thr Ala Ser Pro |     |     |
|                                                                 | 355 | 360 |
| Thr Lys Pro Ser Ser Lys Leu Pro Ala Gly Gly Asn Ala Thr Ser Pro |     |     |
|                                                                 | 370 | 375 |
| Ser Asn Thr Arg Ile Leu Thr Gly Val Gly Gly Ser Gly Thr Asp Asp |     |     |
| 385                                                             | 390 | 395 |
| Gly Thr Leu Leu Thr Thr Lys Ser Ser Pro Asn Arg Pro Pro Gly Thr |     |     |
|                                                                 | 405 | 410 |
| Ala Ala Ser Gly Ser Val Val Pro Gly Asn Gly Ser Val Val Arg Thr |     |     |
|                                                                 | 420 | 425 |
|                                                                 |     | 430 |

10

20

30

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

10

20

30

Asn Ala Phe Leu Leu Ala Asp Thr Ile Ile Arg Glu Arg Ser Val Val  
 675 680 685  
 Gln Lys Val Lys Asn Ile Leu Leu Ser Val Arg Val Leu Glu Thr Lys  
 690 695 700  
 Thr Ile Gln Ser Ser Val Val Phe Pro Asp Ser Asp Gln Trp Pro Leu  
 705 710 715 720  
 Ser Ser Asp Arg Ile Glu Leu Pro Arg Ala Ala Leu Ile Asp Asn Ser  
 725 730 735  
 Glu Gly Gly Leu Val Arg Ile Val Phe Ala Ala Phe Asp Arg Leu Glu  
 740 745 750  
 Ser Ile Leu Lys Pro Ser Tyr Asp His Phe Asp Leu Lys Ser Ser Arg  
 755 760 765  
 Ser Tyr Val Arg Asn Thr Ala Ile Leu Ser Asn Asp Ser Asp Val Asn  
 770 775 780  
 Ala Gly Glu Ile Gln Gln Arg Leu Arg Ile Leu Asn Ser Lys Val Ile  
 785 790 795 800  
 Ser Ala Ser Leu Gly Lys Gly Arg His Ile Gln Leu Ser Gln Pro Ile  
 805 810 815  
 Thr Leu Thr Leu Lys His Leu Lys Thr Glu Asn Val Thr Asn Pro Thr  
 820 825 830  
 Cys Val Phe Trp Asn Tyr Ile Asp His Ala Trp Ser Ala Asn Gly Cys  
 835 840 845  
 Ser Leu Glu Ser Thr Asn Arg Thr His Ser Val Cys Ser Cys Asn His  
 850 855 860  
 Leu Thr Asn Phe Ala Ile Leu Met Asp Val Val Asp Glu His Gln His  
 865 870 875 880  
 Ser Leu Phe Thr Met Phe Asp Gly Asn Met Arg Ile Phe Ile Tyr Ile  
 885 890 895  
 Ser Ile Gly Ile Cys Val Val Phe Ile Val Ile Ala Leu Leu Thr Leu  
 900 905 910

10

20

30

Lys Leu Phe Asn Gly Val Phe Val Lys Ser Ala Arg Thr Ser Ile Tyr  
 915 920 925

Thr Ser Ile Tyr Leu Cys Leu Leu Ala Ile Glu Leu Leu Phe Leu Leu  
 930 935 940

Gly Ile Glu Gln Thr Glu Thr Ser Ile Phe Cys Gly Phe Ile Thr Ile  
 945 950 955 960

Phe Leu His Cys Ala Ile Leu Ser Gly Thr Ala Trp Phe Cys Tyr Glu  
 965 970 975

Ala Phe His Ser Tyr Ser Thr Leu Thr Ser Asp Glu Leu Leu Met Glu  
 980 985 990

Val Asp Gln Thr Pro Lys Val Asn Cys Tyr Tyr Leu Leu Ser Tyr Gly  
 995 1000 1005

Leu Ser Leu Ser Val Val Ala Ile Ser Leu Val Ile Asp Pro Ser  
 1010 1015 1020

Thr Tyr Thr Gln Asn Asp Tyr Cys Val Leu Met Glu Ala Asn Ala  
 1025 1030 1035

Leu Phe Tyr Ala Thr Phe Val Ile Pro Val Leu Val Phe Phe Val  
 1040 1045 1050

Ala Ala Ile Gly Tyr Thr Phe Leu Ser Trp Ile Ile Met Cys Arg  
 1055 1060 1065

Lys Ser Arg Thr Gly Leu Lys Thr Lys Glu His Thr Arg Leu Ala  
 1070 1075 1080

Ser Val Arg Phe Asp Ile Arg Cys Ser Phe Val Phe Leu Leu Leu  
 1085 1090 1095

Leu Ser Ala Val Trp Cys Ser Ala Tyr Phe Tyr Leu Arg Gly Ala  
 1100 1105 1110

Lys Met Asp Asp Asp Thr Ala Asp Val Tyr Gly Tyr Cys Phe Ile  
 1115 1120 1125

Cys Phe Asn Thr Leu Leu Gly Leu Tyr Ile Phe Val Phe His Cys

10

20

30



|                                                                               |      |      |    |
|-------------------------------------------------------------------------------|------|------|----|
| 1130                                                                          | 1135 | 1140 |    |
| Ile Gln Asn Glu Lys Ile Arg Arg Glu Tyr Arg Lys Tyr Val Arg<br>1145 1150 1155 |      |      |    |
| Gln His Ala Trp Leu Pro Lys Cys Leu Arg Cys Ser Lys Thr Ser<br>1160 1165 1170 |      |      |    |
| Ile Ser Ser Gly Ile Val Thr Gly Asn Gly Pro Thr Ala Gly Thr<br>1175 1180 1185 |      |      |    |
| Leu Cys Ser Val Ser Thr Ser Lys Lys Pro Lys Leu Pro Leu Gly<br>1190 1195 1200 |      |      | 10 |
| Val Ser Glu Glu Ala His Asp Asp Pro Gln Gln Gln Gln Gln Thr<br>1205 1210 1215 |      |      |    |
| Pro Val Pro Ile Thr Glu Asp Ala Ile Met Gly Ala Thr Ser Asp<br>1220 1225 1230 |      |      |    |
| Cys Glu Leu Asn Glu Ala Gln Gln Arg Arg Thr Leu Lys Ser Gly<br>1235 1240 1245 |      |      |    |
| Leu Met Thr Gly Thr Leu Gln Ala Pro Pro Gln Thr Leu Gly Gly<br>1250 1255 1260 |      |      | 20 |
| His Val Val Leu Glu Arg Gly Ser Thr Leu Arg Ser Thr Gly His<br>1265 1270 1275 |      |      |    |
| Ala Ser Pro Thr Ser Ser Ala Gly Ser Thr His Leu Ile Phe Ala<br>1280 1285 1290 |      |      |    |
| His Lys Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gly Pro Leu Gly Glu<br>1295 1300 1305 |      |      |    |
| Ser Tyr Tyr His Gln Pro Asp Tyr Tyr Ser Trp Lys Gln Pro Ser<br>1310 1315 1320 |      |      | 30 |
| Thr Gly Thr Gly Gly Leu Lys Thr Pro Arg Glu Tyr Tyr Asn Asn<br>1325 1330 1335 |      |      |    |
| Ala Gly Ala Ala Ala Ser Ser Pro Gln Gln Ala His Glu Val Phe<br>1340 1345 1350 |      |      |    |

Tyr Trp Thr Gln Lys Pro Asn Ser Gly His Asn Gly Lys Lys Lys  
 1355 1360 1365  
 Arg Gly Ala Gly Gly Val Pro Ala Ser Pro Ser Gly Ser Leu His  
 1370 1375 1380  
 Ser Arg Thr Ala Ala Ala Ser Gln Val Leu Phe Tyr Pro Ser Tyr  
 1385 1390 1395  
 Lys Lys Thr Lys Pro Gly Gln Pro Thr Gly Tyr Pro Gln Tyr Ala  
 1400 1405 1410  
 Glu Ala Leu Asp Pro Pro Leu Ala Thr Gly Asn Ala Ala Ala Tyr  
 1415 1420 1425  
 Tyr Gln Gln Gln Gln Gln Leu Arg Arg Gln Gln Leu His Gln Gln  
 1430 1435 1440  
 Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Leu Ser Ser Asp Glu Glu Gln  
 1445 1450 1455  
 Ala Glu Gln His Ala His Leu Leu His Leu Gln Arg Arg Ala Gly  
 1460 1465 1470  
 Ser Gln Gln Gln Leu Pro Ala Pro Pro Pro His Met Ala Gln Tyr  
 1475 1480 1485  
 Gln Gln Glu Phe Met Gln Arg Gln Tyr Arg Asn Lys His Ser Asn  
 1490 1495 1500  
 Cys Asp Leu Gly Met Gly Asp Ala Tyr Tyr Asn Gln Gly Ser Val  
 1505 1510 1515  
 Gly Gly Ala Asp Gly Gly Pro Val Tyr Glu Glu Ile Leu Ser Asn  
 1520 1525 1530  
 Arg Asn Ser Asp Val Gln His Tyr Glu Val Gly Asp Phe Asp Val  
 1535 1540 1545  
 Asp Glu Val Tyr Asn Asn Ser Val Gly Thr Gly Val Phe Asn Asn  
 1550 1555 1560  
 Met Arg Ala Ala Val Ala Ala Gly Gly Ser Arg Tyr Gly Gly Gly  
 1565 1570 1575

10

20

30

Ser Leu Ser Gly Gly Ser Val Ser Ser Arg Ser Gln Gln Gln Gln  
 1580 1585 1590  
 Leu Lys Asn Gln Gln Gln Gln Gln Ser Leu Ala Gln Gln Arg Ser  
 1595 1600 1605  
 Ala Arg Arg Cys Thr Ala Asp Asp Asp Asp Asp Glu Asp Glu Glu  
 1610 1615 1620  
 Glu Asp Glu Glu Ala Thr Ala Ala Glu Gln Leu His Asp Ser Val  
 1625 1630 1635  
 Cys Asp Glu Asp Glu Glu Glu Asp Glu Ser Asp Leu Glu Asp Asp  
 1640 1645 1650  
 Ala His Gly Leu Pro Pro Gln Ser Asp Glu Arg Met Arg Arg Leu  
 1655 1660 1665  
 Met Ala Met Gln Asp Glu Asp Phe Lys Arg Arg Phe Gln Arg Gln  
 1670 1675 1680  
 Leu Arg Lys His Gly Ala Pro Leu Asp Tyr Gly Ala Leu Pro Pro  
 1685 1690 1695  
 Gly Ala Gly Pro Gln Pro Glu His Asn Gly Ala Val Phe Gly Val  
 1700 1705 1710  
 Ser Gly Gly Val Gly Glu Gly Ser Met Arg Gly Ala Phe Arg Gln  
 1715 1720 1725  
 Gln Gln Gln Gln Ala Leu Asn Ala Lys Ser Pro Gly Gly Arg Leu  
 1730 1735 1740  
 Ala Val Asn Glu Leu Phe Gly His Gly Asn Ser Gly Pro Pro Leu  
 1745 1750 1755  
 Pro Pro Ala Asn Gln Thr Pro Ala Gln Lys Arg Gln Gln Leu Gln  
 1760 1765 1770  
 Lys Leu Ser Pro Gln Ser Thr Thr Ser Ser Ser Ser His Thr Ser  
 1775 1780 1785  
 His Ser Asn Pro Asn Pro His Pro His Gln Leu Thr His Pro His  
 1790 1795 1800

10

20

30

Pro His Gln His Pro Pro His His Gln Gln Arg His Leu Ser Ala  
 1805 1810 1815

Met Leu Asp Glu Asn Asn Thr Val Arg Cys Tyr Leu Glu Pro Leu  
 1820 1825 1830

Ala Lys  
 1835

<210> 27  
 <211> 1245  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

10

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1245)  
 <223>

<400> 27  
 atg atg caa gag acc ggc aat caa atg gga cag acc cat atg cac caa 48  
 Met Met Gln Glu Thr Gly Asn Gln Met Gly Gln Thr His Met His Gln  
 1 5 10 15

cgg gtt cct ttt aac gat acg gtc ctg aag gac tat cat ctg acg agc 96  
 Arg Val Pro Phe Asn Asp Thr Val Leu Lys Asp Tyr His Leu Thr Ser  
 20 25 30

acc gat atc gag aag ttt gta aag cta tgg cag gag tac cag atg aag 144  
 Thr Asp Ile Glu Lys Phe Val Lys Leu Trp Gln Glu Tyr Gln Met Lys  
 35 40 45

aac atg acc cct cag gtg gat gag tgc cag ggc tat tgc cag ggg gaa 192  
 Asn Met Thr Pro Gln Val Asp Glu Cys Gln Gly Tyr Cys Gln Gly Glu  
 50 55 60

ata tac aac tgg ttg cga gcc tac aac agc atc cat gga tac gtt tcg 240  
 Ile Tyr Asn Trp Leu Arg Ala Tyr Asn Ser Ile His Gly Tyr Val Ser  
 65 70 75 80

ctg atg att tgc att ttc ggg aca ata gca aac atc ttg aac ata atg 288  
 Leu Met Ile Cys Ile Phe Gly Thr Ile Ala Asn Ile Leu Asn Ile Met  
 85 90 95

gtc ctg acc aga aag gaa atg gcc aag acg ccc ata aat aat ata ctt 336  
 Val Leu Thr Arg Lys Glu Met Ala Lys Thr Pro Ile Asn Asn Ile Leu  
 100 105 110

aag tgg ctg gcg gtg gcc gat atg ttt gtg atg ctg gaa tat ata ccc 384  
 Lys Trp Leu Ala Val Ala Asp Met Phe Val Met Leu Glu Tyr Ile Pro  
 115 120 125

tat aca tcg tat cag tat atc tat atg ggg cca ggt gaa aaa gat ttg 432  
 Tyr Thr Ser Tyr Gln Tyr Ile Tyr Met Gly Pro Gly Glu Lys Asp Leu

20

30

| 130                                                             | 135 | 140 |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| agc tac acc tgg gcg gtt tgt ctg ctg gtt cac atg cac ttc acg cag |     |     | 480  |
| Ser Tyr Thr Trp Ala Val Cys Leu Leu Val His Met His Phe Thr Gln |     |     |      |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160  |
| atc ctg cat acg att tcc atc gga ctg act gtc acg ctg gcg gtg tgg |     |     | 528  |
| Ile Leu His Thr Ile Ser Ile Gly Leu Thr Val Thr Leu Ala Val Trp |     |     |      |
|                                                                 | 165 | 170 | 175  |
| cgg tat gtg gct atc aga cat ccg aac ggg ggc tgt gcc aat ttc ctg |     |     | 576  |
| Arg Tyr Val Ala Ile Arg His Pro Asn Gly Gly Cys Ala Asn Phe Leu |     |     |      |
|                                                                 | 180 | 185 | 190  |
| cta gca cat tcc cgg gag gcg atc ctc ctg ccc ttc atc ctg tgc ccg |     |     | 624  |
| Leu Ala His Ser Arg Glu Ala Ile Leu Leu Pro Phe Ile Leu Ser Pro |     |     |      |
|                                                                 | 195 | 200 | 205  |
| atc ctc tgc ctg ccc acg tac ttt gtg ttc cag gtg cgt gag acg tac |     |     | 672  |
| Ile Leu Cys Leu Pro Thr Tyr Phe Val Phe Gln Val Arg Glu Thr Tyr |     |     |      |
|                                                                 | 210 | 215 | 220  |
| gac gtg gac aag gtc aac tgc gag gcc atg tat cac gtt tac ttc gat |     |     | 720  |
| Asp Val Asp Lys Val Asn Ser Glu Ala Met Tyr His Val Tyr Phe Asp |     |     |      |
|                                                                 | 225 | 230 | 235  |
| aag gac tgc gtg ctc tac aga ttc aac ttc tgg ata cat tcc gtg ctc |     |     | 768  |
| Lys Asp Ser Val Leu Tyr Arg Phe Asn Phe Trp Ile His Ser Val Leu |     |     |      |
|                                                                 | 245 | 250 | 255  |
| atc aaa ctt ctg ccg tgc ggc ata tta att gtg atc agt gca gta ctt |     |     | 816  |
| Ile Lys Leu Leu Pro Cys Gly Ile Leu Ile Val Ile Ser Ala Val Leu |     |     |      |
|                                                                 | 260 | 265 | 270  |
| atg cac gtt ttg tgc gag gca tgc aga cgt cgc ttg aag ctg agg gat |     |     | 864  |
| Met His Val Leu Cys Glu Ala Ser Arg Arg Arg Leu Lys Leu Arg Asp |     |     |      |
|                                                                 | 275 | 280 | 285  |
| tac aac aat ccc gcc aaa tat gcc atc cag ctt aat ctg aat gaa acc |     |     | 912  |
| Tyr Asn Asn Pro Ala Lys Tyr Ala Ile Gln Leu Asn Leu Asn Glu Thr |     |     |      |
|                                                                 | 290 | 295 | 300  |
| aaa tcc aag aag cct cct cgc tgt gat cgc cga aac gat cgg act acc |     |     | 960  |
| Lys Ser Lys Lys Pro Pro Arg Cys Asp Arg Arg Asn Asp Arg Thr Thr |     |     |      |
|                                                                 | 305 | 310 | 315  |
| ctt ttg ctg gtt gcg gtg ctg gtt ttg ttt ctg atc aca gag ttt ccg |     |     | 1008 |
| Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Val Leu Phe Leu Ile Thr Glu Phe Pro |     |     |      |
|                                                                 | 325 | 330 | 335  |
| cag gga tta ctt ggt ctg ctg tcc gga gtg atg gag aag tgc ttc ttc |     |     | 1056 |
| Gln Gly Leu Leu Gly Leu Leu Ser Gly Val Met Glu Lys Cys Phe Phe |     |     |      |
|                                                                 | 340 | 345 | 350  |
| gcc cac tgc tat ccg ccg ttt gga gag ctg atg gat ctg ctg gcg ctg |     |     | 1104 |
| Ala His Cys Tyr Pro Pro Phe Gly Glu Leu Met Asp Leu Leu Ala Leu |     |     |      |
|                                                                 | 355 | 360 | 365  |
| atc aac gcc gcc gtg gga ttc gtg ctg tac ggt ctg atg tgc aaa cag |     |     | 1152 |

10

20

30

Ile Asn Ala Ala Val Gly Phe Val Leu Tyr Gly Leu Met Ser Lys Gln  
370 375 380

ttc cgg acc acc ttc cga tcg ctg ttt atg aag cgg cac ttt ggc agc 1200  
Phe Arg Thr Thr Phe Arg Ser Leu Phe Met Lys Arg His Phe Gly Ser  
385 390 395 400

acc gaa atg acc aga ttg acc cgc gta acc acg act tgc gtc tag 1245  
Thr Glu Met Thr Arg Leu Thr Arg Val Thr Thr Thr Cys Val  
405 410

<210> 28  
<211> 414  
<212> PRT  
<213> Drosophila melanogaster

10

<400> 28

Met Met Gln Glu Thr Gly Asn Gln Met Gly Gln Thr His Met His Gln  
1 5 10 15

Arg Val Pro Phe Asn Asp Thr Val Leu Lys Asp Tyr His Leu Thr Ser  
20 25 30

Thr Asp Ile Glu Lys Phe Val Lys Leu Trp Gln Glu Tyr Gln Met Lys  
35 40 45

Asn Met Thr Pro Gln Val Asp Glu Cys Gln Gly Tyr Cys Gln Gly Glu  
50 55 60

20

Ile Tyr Asn Trp Leu Arg Ala Tyr Asn Ser Ile His Gly Tyr Val Ser  
65 70 75 80

Leu Met Ile Cys Ile Phe Gly Thr Ile Ala Asn Ile Leu Asn Ile Met  
85 90 95

Val Leu Thr Arg Lys Glu Met Ala Lys Thr Pro Ile Asn Asn Ile Leu  
100 105 110

Lys Trp Leu Ala Val Ala Asp Met Phe Val Met Leu Glu Tyr Ile Pro  
115 120 125

30

Tyr Thr Ser Tyr Gln Tyr Ile Tyr Met Gly Pro Gly Glu Lys Asp Leu  
130 135 140

Ser Tyr Thr Trp Ala Val Cys Leu Leu Val His Met His Phe Thr Gln  
145 150 155 160

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

10

20

30

Thr Glu Met Thr Arg Leu Thr Arg Val Thr Thr Thr Cys Val  
 405 410

<210> 29  
 <211> 1296  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1296)  
 <223>

<400> 29  
 atg agc gac cag att ggc aac ccc aat gca aca ttc agt ggc agt ggc 48 10  
 Met Ser Asp Gln Ile Gly Asn Pro Asn Ala Thr Phe Ser Gly Ser Gly  
 1 5 10 15  
 agt ggc agt ggc acc aac gcc gcc tcc atc gcc gaa agt gtg gcg gag 96  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asn Ala Ala Ser Ile Ala Glu Ser Val Ala Glu  
 20 25 30  
 agc gga ccg gac ttc gat gca ctt cgg gcc gcc tgc gaa acg cgg cta 144  
 Ser Gly Pro Asp Phe Asp Ala Leu Arg Ala Ala Cys Glu Thr Arg Leu  
 35 40 45  
 aat gcc agc ggt caa ctg gcg gcc tcc gga gga cca gcc gca gga gca 192  
 Asn Ala Ser Gly Gln Leu Ala Gly Ser Gly Gly Pro Gly Ala Gly Ala  
 50 55 60  
 gga acc tac tgt gcc gcc acc ttt gat gcc tgg ctt tgt tgg ccg gat 240 20  
 Gly Thr Tyr Cys Ala Gly Thr Phe Asp Gly Trp Leu Cys Trp Pro Asp  
 65 70 75 80  
 acg gct gtc gcc act tcc gcc tac gaa ctc tgc ccg gac ttc atc acg 288  
 Thr Ala Val Gly Thr Ser Ala Tyr Glu Leu Cys Pro Asp Phe Ile Thr  
 85 90 95  
 gga ttc gat cca gca aga tat gcc cac aag gaa tgc ggt ctc gat gcc 336  
 Gly Phe Asp Pro Ala Arg Tyr Ala His Lys Glu Cys Gly Leu Asp Gly  
 100 105 110  
 gag tgg ttc aag cat ccg ctg acc aat aaa aca tgg tcc aac tac aca 384  
 Glu Trp Phe Lys His Pro Leu Thr Asn Lys Thr Trp Ser Asn Tyr Thr  
 115 120 125  
 acc tgc gta aat ctc gaa gac ctc aac tgg agg cac aca gtg aat ctg 432 30  
 Thr Cys Val Asn Leu Glu Asp Leu Asn Trp Arg His Thr Val Asn Leu  
 130 135 140  
 atc tcc gag gtt gcc tac gcc acc tca ctg ctg gcc att ctg ctg tcc 480  
 Ile Ser Glu Val Gly Tyr Gly Thr Ser Leu Leu Ala Ile Leu Leu Ser  
 145 150 155 160  
 ttg gcc ata ttg ggt tat ttc aaa tcc ctg aag tgc gcc cgc atc acg 528  
 Leu Ala Ile Leu Gly Tyr Phe Lys Ser Leu Lys Cys Ala Arg Ile Thr  
 165 170 175



ctg cac atg aat ctg ttc gcc tcg ttc gct gcc aat aac tcg ctg tgg 576  
 Leu His Met Asn Leu Phe Ala Ser Phe Ala Ala Asn Asn Ser Leu Trp  
 180 185 190

ctg gtc tgg tac ctg ctg gtc atg ccg aat tcg gag cta ctg cat cag 624  
 Leu Val Trp Tyr Leu Leu Val Met Pro Asn Ser Glu Leu Leu His Gln  
 195 200 205

agt ccg atg cgc tgc gtt gcc ctg cac ata acg cta cac tac ttc ctc 672  
 Ser Pro Met Arg Cys Val Ala Leu His Ile Thr Leu His Tyr Phe Leu  
 210 215 220

ctg tcc aat tac tcc tgg atg ctc tgc gag gga ttc tat ctg cac acc 720  
 Leu Ser Asn Tyr Ser Trp Met Leu Cys Glu Gly Phe Tyr Leu His Thr  
 225 230 235 240

gtc ctc gtc gcc gca ttc att tcc gag aag agg ctg gtc aaa tgg ctc 768  
 Val Leu Val Ala Phe Ile Ser Glu Lys Arg Leu Val Lys Trp Leu  
 245 250 255

atc gca ttc ggc tgg ggc tcc ccg gcc atc gtc ata ttc gtc tat agc 816  
 Ile Ala Phe Gly Trp Gly Ser Pro Ala Ile Val Ile Phe Val Tyr Ser  
 260 265 270

atg gct cgc ggt ctg ggc ggc acg ccc gag gac aat cgt cac tgc tgg 864  
 Met Ala Arg Gly Leu Gly Gly Thr Pro Glu Asp Asn Arg His Cys Trp  
 275 280 285

atg aac caa acc aac tac caa aac att cta atg gtg cct gtg tgt atc 912  
 Met Asn Gln Thr Asn Tyr Gln Asn Ile Leu Met Val Pro Val Cys Ile  
 290 295 300

tcc atg ttc ctg aac ctc ctg ttc ctg tgc aac att gtg cga gtg gtc 960  
 Ser Met Phe Leu Asn Leu Leu Phe Leu Cys Asn Ile Val Arg Val Val  
 305 310 315 320

ctt ttg aaa ctg aat gcc ccg gcc agt att cag ggc agc tgc ggt cca 1008  
 Leu Leu Lys Leu Asn Ala Pro Ala Ser Ile Gln Gly Ser Cys Gly Pro  
 325 330 335

tcg cga acg gtt ttg caa gca ttt ccg gca acg ctg ctt ttg gtt cct 1056  
 Ser Arg Thr Val Leu Gln Ala Phe Arg Ala Thr Leu Leu Leu Val Pro  
 340 345 350

ctg ctc ggc ctc cag tac atc ctt acg ccc ttt cgt cct gca ccc aaa 1104  
 Leu Leu Gly Leu Gln Tyr Ile Leu Thr Pro Phe Arg Pro Ala Pro Lys  
 355 360 365

cat ccc tgg gag aat aca tac gaa atc atc tcg gcg ttt acg gcc tca 1152  
 His Pro Trp Glu Asn Thr Tyr Glu Ile Ile Ser Ala Phe Thr Ala Ser  
 370 375 380

ttc caa ggt ctg tgc gtt gcc att ttg ttt tgc ttt tgc aac ggc gag 1200  
 Phe Gln Gly Leu Cys Val Ala Ile Leu Phe Cys Phe Cys Asn Gly Glu  
 385 390 395 400

gtg att gcc caa atg aag cgc aag tgg ccg atg atg tgc ttc agc aac 1248  
 Val Ile Ala Gln Met Lys Arg Lys Trp Arg Met Met Cys Phe Ser Asn

10

20

30

405 410 415  
 cga ccg cgg acc aat tcc tat aca gcc act cag gtc tcg ttc ttt tga 1296  
 Arg Pro Arg Thr Asn Ser Tyr Thr Ala Thr Gln Val Ser Phe Phe  
 420 425 430

<210> 30  
 <211> 431  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 30

Met Ser Asp Gln Ile Gly Asn Pro Asn Ala Thr Phe Ser Gly Ser Gly  
 1 5 10 15

10

Ser Gly Ser Gly Thr Asn Ala Ala Ser Ile Ala Glu Ser Val Ala Glu  
 20 25 30

Ser Gly Pro Asp Phe Asp Ala Leu Arg Ala Ala Cys Glu Thr Arg Leu  
 35 40 45

Asn Ala Ser Gly Gln Leu Ala Gly Ser Gly Gly Pro Gly Ala Gly Ala  
 50 55 60

Gly Thr Tyr Cys Ala Gly Thr Phe Asp Gly Trp Leu Cys Trp Pro Asp  
 65 70 75 80

20

Thr Ala Val Gly Thr Ser Ala Tyr Glu Leu Cys Pro Asp Phe Ile Thr  
 85 90 95

Gly Phe Asp Pro Ala Arg Tyr Ala His Lys Glu Cys Gly Leu Asp Gly  
 100 105 110

Glu Trp Phe Lys His Pro Leu Thr Asn Lys Thr Trp Ser Asn Tyr Thr  
 115 120 125

Thr Cys Val Asn Leu Glu Asp Leu Asn Trp Arg His Thr Val Asn Leu  
 130 135 140

30

Ile Ser Glu Val Gly Tyr Gly Thr Ser Leu Leu Ala Ile Leu Leu Ser  
 145 150 155 160

Leu Ala Ile Leu Gly Tyr Phe Lys Ser Leu Lys Cys Ala Arg Ile Thr  
 165 170 175

Leu His Met Asn Leu Phe Ala Ser Phe Ala Ala Asn Asn Ser Leu Trp

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

10

20

30

Arg Pro Arg Thr Asn Ser Tyr Thr Ala Thr Gln Val Ser Phe Phe  
                   420                  425                  430

<210> 31  
 <211> 1515  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1515)  
 <223>

|                                                                    |     |    |
|--------------------------------------------------------------------|-----|----|
| <400> 31                                                           |     |    |
| atg agt gac cac aac cac atc gat tcg gtg aac gcc agc ggg agt gat    | 48  | 10 |
| Met Ser Asp His Asn His Ile Asp Ser Val Asn Ala Ser Gly Ser Asp    |     |    |
| 1                  5                  10                  15       |     |    |
| ccg ctc ctg gaa ctg cac aac cta gat ggc atc ggc gag agc gtg gag    | 96  |    |
| Pro Leu Leu Glu Leu His Asn Leu Asp Gly Ile Gly Glu Ser Val Glu    |     |    |
| 20                  25                  30                         |     |    |
| ttg cag tgc ctg gtg cag gag cac atc gag gca tcc acc tat ggc aac    | 144 |    |
| Leu Gln Cys Leu Val Gln Glu His Ile Glu Ala Ser Thr Tyr Gly Asn    |     |    |
| 35                  40                  45                         |     |    |
| gat agt ggc cac tgc ctc acc cag ttc gat tcg att ctg tgc tgg ccg    | 192 |    |
| Asp Ser Gly His Cys Leu Thr Gln Phe Asp Ser Ile Leu Cys Trp Pro    |     |    |
| 50                  55                  60                         |     |    |
| agg aca gct cgc ggt acc ctg gcg gtg ctc cag tgc atg gac gag ttg    | 240 | 20 |
| Arg Thr Ala Arg Gly Thr Leu Ala Val Leu Gln Cys Met Asp Glu Leu    |     |    |
| 65                  70                  75                  80     |     |    |
| cag gga att cat tac gat agc agc aag aat gca acg agg ttc tgc cac    | 288 |    |
| Gln Gly Ile His Tyr Asp Ser Ser Lys Asn Ala Thr Arg Phe Cys His    |     |    |
| 85                  90                  95                         |     |    |
| gcc aat gga act tgg gag aag tac acc aac tac gat gcc tgc gcc cac    | 336 |    |
| Ala Asn Gly Thr Trp Glu Lys Tyr Thr Asn Tyr Asp Ala Cys Ala His    |     |    |
| 100                  105                  110                      |     |    |
| ctg ccc gcc cca gaa tcc gtg ccg gag ttc gag gtc atc gtg gag ctg    | 384 |    |
| Leu Pro Ala Pro Glu Ser Val Pro Glu Phe Glu Val Ile Val Glu Leu    |     |    |
| 115                  120                  125                      |     |    |
| ccc acc att atc tac tac att gga tac acc ctc agc ctg gta tcg ctc    | 432 | 30 |
| Pro Thr Ile Ile Tyr Tyr Ile Gly Tyr Thr Leu Ser Leu Val Ser Leu    |     |    |
| 130                  135                  140                      |     |    |
| tcg ctg gcg ctg att gtt ttt gcc tac ttc aag gag ctg cgt tgc ctg    | 480 |    |
| Ser Leu Ala Leu Ile Val Phe Ala Tyr Phe Lys Glu Leu Arg Cys Leu    |     |    |
| 145                  150                  155                  160 |     |    |
| cgc aac acc atc cac gcc aac ttg ttc ttc acg tac atc atg tcg gct    | 528 |    |
| Arg Asn Thr Ile His Ala Asn Leu Phe Phe Thr Tyr Ile Met Ser Ala    |     |    |
| 165                  170                  175                      |     |    |

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| ttg ttc tgg ata ctc ttg tta tcc gtc cag atc tcc atc cga agt gga     | 576  |
| Leu Phe Trp Ile Leu Leu Leu Ser Val Gln Ile Ser Ile Arg Ser Gly     |      |
| 180 185 190                                                         |      |
| gtg ggc agc tgc att gct ctg atc acc ctg ttc cac ttc ttc acc ctg     | 624  |
| Val Gly Ser Cys Ile Ala Leu Ile Thr Leu Phe His Phe Phe Thr Leu     |      |
| 195 200 205                                                         |      |
| acc aac ttc ttt tgg atg ctg gtc gag ggt ttg tac ctg tac atg ctg     | 672  |
| Thr Asn Phe Phe Trp Met Leu Val Glu Gly Leu Tyr Leu Tyr Met Leu     |      |
| 210 215 220                                                         |      |
| gtg gtt aag act ttc tcc ggg gac aat tta cgc ttt aat atc tac acc     | 720  |
| Val Val Lys Thr Phe Ser Gly Asp Asn Leu Arg Phe Asn Ile Tyr Thr     |      |
| 225 230 235 240                                                     |      |
| tcc ata ggc tgg ggt ggc ccg gcc ttg ttt gtt gtc acc tgg gct gtg     | 768  |
| Ser Ile Gly Trp Gly Gly Pro Ala Leu Phe Val Val Thr Trp Ala Val     |      |
| 245 250 255                                                         |      |
| gcc aaa agt ctg acg gtc acc tac agc acc ccc gaa aag tac gaa atc     | 816  |
| Ala Lys Ser Pro Leu Thr Val Thr Tyr Ser Thr Pro Glu Lys Tyr Glu Ile |      |
| 260 265 270                                                         |      |
| aac tgc ccc tgg atg cag gag acc cat gtg gat tgg ata tac cag gga     | 864  |
| Asn Cys Pro Trp Met Gln Glu Thr His Val Asp Trp Ile Tyr Gln Gly     |      |
| 275 280 285                                                         |      |
| cct gtc tgt gcg gtg cta ata atc aat ctc aca ttt ctg ctg cgt atc     | 912  |
| Pro Val Cys Ala Val Leu Ile Ile Asn Leu Thr Phe Leu Leu Arg Ile     |      |
| 290 295 300                                                         |      |
| atg tgg gtt cta atc aca aag ctg cgc tcg gcc aat aca gtg gag act     | 960  |
| Met Trp Val Leu Ile Thr Lys Leu Arg Ser Ala Asn Thr Val Glu Thr     |      |
| 305 310 315 320                                                     |      |
| cgt cag tat agg aaa gct gct aag gca ctg ctg gtg cta atc cca ctt     | 1008 |
| Arg Gln Tyr Arg Lys Ala Ala Lys Ala Leu Leu Val Leu Ile Pro Leu     |      |
| 325 330 335                                                         |      |
| ttt ggc atc acc tac ctg gtg gtg ctg gct ggt ccc tcg gaa tct ggc     | 1056 |
| Phe Gly Ile Thr Tyr Leu Val Val Leu Ala Gly Pro Ser Glu Ser Gly     |      |
| 340 345 350                                                         |      |
| cta atg gga cac atg ttt gcc gtc ctg cga gcg ata tta ctc agc act     | 1104 |
| Leu Met Gly His Met Phe Ala Val Leu Arg Ala Ile Leu Leu Ser Thr     |      |
| 355 360 365                                                         |      |
| cag gga ttc tcg gtg tcg ctg ttc tac tgt ttc ctc aac tcg gag gtg     | 1152 |
| Gln Gly Phe Ser Val Ser Leu Phe Tyr Cys Phe Leu Asn Ser Glu Val     |      |
| 370 375 380                                                         |      |
| cga aat gca ctg aga cac cac att tcc acg tgg cgg gac acg cgc acc     | 1200 |
| Arg Asn Ala Leu Arg His His Ile Ser Thr Trp Arg Asp Thr Arg Thr     |      |
| 385 390 395 400                                                     |      |
| att cag ctt aac cag aac cga cgt tat acc acg aaa agc ttc tcg aaa     | 1248 |
| Ile Gln Leu Asn Gln Asn Arg Arg Tyr Thr Thr Lys Ser Phe Ser Lys     |      |
| 405 410 415                                                         |      |

10

20

30

ggc ggt ggt tcc ccc cga gcc gag agt atg cga cct ttg acc agc tac 1296  
 Gly Gly Gly Ser Pro Arg Ala Glu Ser Met Arg Pro Leu Thr Ser Tyr  
 420 425 430  
 tat ggg cgt ggc aag cgg gag tcg tgc gta agt tcg gcc acc acc acc 1344  
 Tyr Gly Arg Gly Lys Arg Glu Ser Cys Val Ser Ser Ala Thr Thr Thr  
 435 440 445  
 acg ctg gtg ggt cag cat gcc cca ctt tcg ctc cac cgg ggc tcc aac 1392  
 Thr Leu Val Gly Gln His Ala Pro Leu Ser Leu His Arg Gly Ser Asn  
 450 455 460  
 aat gcc ctg cac acg atg ccc act ttg gcg gca aat gcc atg agt tcc 1440  
 Asn Ala Leu His Thr Met Pro Thr Leu Ala Ala Asn Ala Met Ser Ser  
 465 470 475 480  
 ggc agc act ctg agc gta atg ccc cgg gcc att agt ccc ctg atg agg 1488  
 Gly Ser Thr Leu Ser Val Met Pro Arg Ala Ile Ser Pro Leu Met Arg  
 485 490 495  
 caa gga ctc gag gag aac tcg gtg tag 1515  
 Gln Gly Leu Glu Glu Asn Ser Val  
 500

<210> 32  
 <211> 504  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 32

Met Ser Asp His Asn His Ile Asp Ser Val Asn Ala Ser Gly Ser Asp 20  
1 5 10 15

Pro Leu Leu Glu Leu His Asn Leu Asp Gly Ile Gly Glu Ser Val Glu  
20 25 30

Leu Gln Cys Leu Val Gln Glu His Ile Glu Ala Ser Thr Tyr Gly Asn  
35 40 45

Asp Ser Gly His Cys Leu Thr Gln Phe Asp Ser Ile Leu Cys Trp Pro  
50 55 60

Arg Thr Ala Arg Gly Thr Leu Ala Val Leu Gln Cys Met Asp Glu Leu  
65 70 75 80

Gln Gly Ile His Tyr Asp Ser Ser Lys Asn Ala Thr Arg Phe Cys His  
85 90 95

Ala Asn Gly Thr Trp Glu Lys Tyr Thr Asn Tyr Asp Ala Cys Ala His  
100 105 110

10

20

30

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

10

20

30

340                      345                      350  
 Leu Met Gly His Met Phe Ala Val Leu Arg Ala Ile Leu Leu Ser Thr  
           355                      360                      365  
 Gln Gly Phe Ser Val Ser Leu Phe Tyr Cys Phe Leu Asn Ser Glu Val  
           370                      375                      380  
 Arg Asn Ala Leu Arg His His Ile Ser Thr Trp Arg Asp Thr Arg Thr  
           385                      390                      395                      400  
 Ile Gln Leu Asn Gln Asn Arg Arg Tyr Thr Thr Lys Ser Phe Ser Lys  
                                  405                      410                      415  
 Gly Gly Gly Ser Pro Arg Ala Glu Ser Met Arg Pro Leu Thr Ser Tyr  
                                  420                      425                      430  
 Tyr Gly Arg Gly Lys Arg Glu Ser Cys Val Ser Ser Ala Thr Thr Thr  
                                  435                      440                      445  
 Thr Leu Val Gly Gln His Ala Pro Leu Ser Leu His Arg Gly Ser Asn  
           450                      455                      460  
 Asn Ala Leu His Thr Met Pro Thr Leu Ala Ala Asn Ala Met Ser Ser  
           465                      470                      475                      480  
 Gly Ser Thr Leu Ser Val Met Pro Arg Ala Ile Ser Pro Leu Met Arg  
                                  485                      490                      495  
 Gln Gly Leu Glu Glu Asn Ser Val  
                                  500

<210> 33  
 <211> 1536  
 <212> DNA  
 <213> Drosophila melanogaster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1536)  
 <223>

<400> 33  
 atg cga ata gtt att gga tgc ttc acc gca ttt ctt ttg ctg tta ttg            48  
 Met Arg Ile Val Ile Gly Ser Phe Thr Ala Phe Leu Leu Leu Leu Leu  
 1                      5                      10                      15  
 caa aac tca aat gcc gaa att ccc ggt tgc gac ttc ttc gac acc gta            96

10

20

30



| Gln | Asn | Ser | Asn | Ala | Glu | Ile | Pro | Gly | Cys | Asp | Phe | Phe | Asp | Thr | Val |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| gat | att | tca | aaa | tgc | cca | aga | ttc | gcg | aac | gga | tcg | tac | ctc | tac | gaa | 144 |
| Asp | Ile | Ser | Lys | Ser | Pro | Arg | Phe | Ala | Asn | Gly | Ser | Tyr | Leu | Tyr | Glu |     |
|     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| ggc | ttg | ctg | atc | ccc | gcc | cat | ttg | aca | gct | gaa | tat | gac | tac | aag | ctc | 192 |
| Gly | Leu | Leu | Ile | Pro | Ala | His | Leu | Thr | Ala | Glu | Tyr | Asp | Tyr | Lys | Leu |     |
|     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| ttg | gcc | gac | gat | tgc | aag | gag | aag | gtg | gcg | agc | cac | gta | cga | gga | tgt | 240 |
| Leu | Ala | Asp | Asp | Ser | Lys | Glu | Lys | Val | Ala | Ser | His | Val | Arg | Gly | Cys |     |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |     |
| gcc | tgc | cac | ctt | agg | cca | tgc | atc | cgg | ttt | tgt | tgc | ccc | cag | tac | caa | 288 |
| Ala | Cys | His | Leu | Arg | Pro | Cys | Ile | Arg | Phe | Cys | Cys | Pro | Gln | Tyr | Gln |     |
|     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |
| aag | atg | caa | aag | agc | aag | tgc | tat | ggc | gac | atg | tcg | gag | gac | gag | ctg | 336 |
| Lys | Met | Gln | Lys | Ser | Lys | Cys | Tyr | Gly | Asp | Met | Ser | Glu | Asp | Glu | Leu |     |
|     |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |     |     |
| aac | aag | cac | gat | ccc | ttc | gtg | aac | gtg | acg | ctc | agc | gac | ggg | tcg | gtg | 384 |
| Asn | Lys | His | Asp | Pro | Phe | Val | Asn | Val | Thr | Leu | Ser | Asp | Gly | Ser | Val |     |
|     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| gtc | agg | aga | cac | ttc | aag | gag | gat | ctg | atc | gtg | cag | tcg | gat | ctg | gcc | 432 |
| Val | Arg | Arg | His | Phe | Lys | Arg | Asp | Leu | Ile | Val | Gln | Ser | Asp | Leu | Ala |     |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| aag | ctc | gga | tgt | ccc | cgg | atg | tac | ttt | ctg | aat | cac | gaa | ctg | ccg | ggc | 480 |
| Lys | Leu | Gly | Cys | Pro | Arg | Met | Tyr | Phe | Leu | Asn | His | Glu | Leu | Pro | Gly |     |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |     |
| aat | gaa | ttc | act | ctg | ttt | gag | aat | ggc | tct | ctt | ctg | cgt | cac | tgg | gac | 528 |
| Asn | Glu | Phe | Thr | Leu | Phe | Glu | Asn | Gly | Ser | Leu | Leu | Arg | His | Trp | Asp |     |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |     |
| aaa | gtg | gaa | ctg | agc | aag | cgg | gag | tac | tgc | gtc | cag | cat | ctt | tca | ttt | 576 |
| Lys | Val | Glu | Leu | Ser | Lys | Arg | Glu | Tyr | Cys | Val | Gln | His | Leu | Ser | Phe |     |
|     |     | 180 |     |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| aag | gat | gat | agt | atc | cga | att | gca | ccc | cac | ttc | tgt | cca | ctt | tcg | tct | 624 |
| Lys | Asp | Asp | Ser | Ile | Arg | Ile | Ala | Pro | His | Phe | Cys | Pro | Leu | Ser | Ser |     |
|     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| gag | cac | tcc | aga | acg | tgg | aag | acc | gtt | gcg | ata | gtg | ata | tcc | ttg | ata | 672 |
| Glu | His | Ser | Arg | Thr | Trp | Lys | Thr | Val | Ala | Ile | Val | Ile | Ser | Leu | Ile |     |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| tgc | ata | atc | cta | acg | atc | agc | gtg | tac | ctc | tat | gtc | gag | aag | ctt | cgc | 720 |
| Cys | Ile | Ile | Leu | Thr | Ile | Ser | Val | Tyr | Leu | Tyr | Val | Glu | Lys | Leu | Arg |     |
| 225 |     |     |     | 230 |     |     |     | 235 |     |     |     |     |     | 240 |     |     |
| aac | ctg | cac | gga | aag | tgt | ttc | atc | tgc | tac | ttg | gcc | tct | ttg | ttc | ttg | 768 |
| Asn | Leu | His | Gly | Lys | Cys | Phe | Ile | Cys | Tyr | Leu | Ala | Ser | Leu | Phe | Leu |     |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |     |

10

20

30

ggc tat ttc ttc ctg gtc ctc aac gtg tgg aaa tac tcc tcc ggc ttc 816  
 Gly Tyr Phe Phe Leu Val Leu Asn Val Trp Lys Tyr Ser Ser Gly Phe  
 260 265 270

tgc gtt aca gca gga ttc ctg ggc tac ttc tcc gtc atc gcc gcg ttc 864  
 Cys Val Thr Ala Gly Phe Leu Gly Tyr Phe Ser Val Ile Ala Ala Phe  
 275 280 285

ttt tgg ctt tct gtc atc agt ctt acc ctc tgg aat tca ttt agc ggc 912  
 Phe Trp Leu Ser Val Ile Ser Leu Thr Leu Trp Asn Ser Phe Ser Gly  
 290 295 300

aac tcc agc tgg ttg aac cgt ttc ttg cca cag aat cgg ttc ctt tct 960  
 Asn Ser Ser Trp Leu Asn Arg Phe Leu Pro Gln Asn Arg Phe Leu Ser  
 305 310 315 320

tac aat tta tac gcc tgg ggc atg gcg ctg ctc ctg act gca atc acc 1008  
 Tyr Asn Leu Tyr Ala Trp Gly Met Ala Leu Leu Thr Ala Ile Thr  
 325 330 335

tat ata gct gac cag gtg gtt aag aac gag aag ttg aaa ccc cgc gtg 1056  
 Tyr Ile Ala Asp Gln Val Val Lys Asn Glu Lys Leu Lys Pro Arg Val  
 340 345 350

ggc gtc ggc aaa aat tgt tgg atc tac act ggg gat atg act gtc atg 1104  
 Gly Val Gly Lys Asn Cys Trp Ile Tyr Thr Gly Asp Met Thr Val Met  
 355 360 365

atc tac ttc tat ggc cgc atg cta ctg ata atc gtt ttc aac ata aca 1152  
 Ile Tyr Phe Tyr Gly Pro Met Leu Leu Ile Ile Val Phe Asn Ile Thr  
 370 375 380

atg ttt gtc cgc act gct ttt cgt ata atg aaa gtg aag aag gaa gca 1200  
 Met Phe Val Pro Thr Ala Phe Arg Ile Met Lys Val Lys Lys Glu Ala  
 385 390 395 400

caa aac ttt act caa cag caa aaa aca acc aat agg ctc aat tog gac 1248  
 Gln Asn Phe Thr Gln Gln Gln Lys Thr Thr Asn Arg Leu Asn Ser Asp  
 405 410 415

aag cag act tac gcc cta ttc ctg cga ctc ttt atc atc atg ggc ttg 1296  
 Lys Gln Thr Tyr Ala Leu Phe Leu Arg Leu Phe Ile Ile Met Gly Leu  
 420 425 430

tcc tgg agc ttg gaa ata atc tgc ttt ctg ttg agc aaa aat cag gct 1344  
 Ser Trp Ser Leu Glu Ile Ile Ser Phe Leu Leu Ser Lys Asn Gln Ala  
 435 440 445

tgg gcc aag gct ttt atg gtg gct gac tac ttc aat tgg tca cag ggc 1392  
 Trp Ala Lys Ala Phe Met Val Ala Asp Tyr Phe Asn Trp Ser Gln Gly  
 450 455 460

acc atc ata ttt ctg cta ttt gtt ctg agg ccc agc aca ctg aag ctc 1440  
 Thr Ile Ile Phe Leu Leu Phe Val Leu Arg Pro Ser Thr Leu Lys Leu  
 465 470 475 480

ctg aag gaa cgg att aag ggt ggg agg gat gag gcc gcc gcc agc gat 1488  
 Leu Lys Glu Arg Ile Lys Gly Gly Arg Asp Glu Ala Gly Ala Ser Asp  
 485 490 495

10

20

30

gaa cat atc tca ctt cag aat acg aaa att gac ccc agt gtt ttt taa 1536  
 Glu His Ile Ser Leu Gln Asn Thr Lys Ile Asp Pro Ser Val Phe  
           500                          505                          510

<210> 34  
 <211> 511  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 34

Met Arg Ile Val Ile Gly Ser Phe Thr Ala Phe Leu Leu Leu Leu Leu  
 1                  5                          10                          15

Gln Asn Ser Asn Ala Glu Ile Pro Gly Cys Asp Phe Phe Asp Thr Val  
           20                          25                          30

Asp Ile Ser Lys Ser Pro Arg Phe Ala Asn Gly Ser Tyr Leu Tyr Glu  
           35                          40                          45

Gly Leu Leu Ile Pro Ala His Leu Thr Ala Glu Tyr Asp Tyr Lys Leu  
           50                          55                          60

Leu Ala Asp Asp Ser Lys Glu Lys Val Ala Ser His Val Arg Gly Cys  
           65                          70                          75                          80

Ala Cys His Leu Arg Pro Cys Ile Arg Phe Cys Cys Pro Gln Tyr Gln  
           85                          90                          95

Lys Met Gln Lys Ser Lys Cys Tyr Gly Asp Met Ser Glu Asp Glu Leu  
           100                          105                          110

Asn Lys His Asp Pro Phe Val Asn Val Thr Leu Ser Asp Gly Ser Val  
           115                          120                          125

Val Arg Arg His Phe Lys Glu Asp Leu Ile Val Gln Ser Asp Leu Ala  
           130                          135                          140

Lys Leu Gly Cys Pro Arg Met Tyr Phe Leu Asn His Glu Leu Pro Gly  
           145                          150                          155                          160

Asn Glu Phe Thr Leu Phe Glu Asn Gly Ser Leu Leu Arg His Trp Asp  
           165                          170                          175

Lys Val Glu Leu Ser Lys Arg Glu Tyr Cys Val Gln His Leu Ser Phe  
           180                          185                          190

10

20

30

Lys Asp Asp Ser Ile Arg Ile Ala Pro His Phe Cys Pro Leu Ser Ser  
195 200 205

Glu His Ser Arg Thr Trp Lys Thr Val Ala Ile Val Ile Ser Leu Ile  
210 215 220

Cys Ile Ile Leu Thr Ile Ser Val Tyr Leu Tyr Val Glu Lys Leu Arg  
225 230 235 240

Asn Leu His Gly Lys Cys Phe Ile Cys Tyr Leu Ala Ser Leu Phe Leu  
245 250 255

Gly Tyr Phe Phe Leu Val Leu Asn Val Trp Lys Tyr Ser Ser Gly Phe  
260 265 270

Cys Val Thr Ala Gly Phe Leu Gly Tyr Phe Ser Val Ile Ala Ala Phe  
275 280 285

Phe Trp Leu Ser Val Ile Ser Leu Thr Leu Trp Asn Ser Phe Ser Gly  
290 295 300

Asn Ser Ser Trp Leu Asn Arg Phe Leu Pro Gln Asn Arg Phe Leu Ser  
305 310 315 320

Tyr Asn Leu Tyr Ala Trp Gly Met Ala Leu Leu Leu Thr Ala Ile Thr  
325 330 335

Tyr Ile Ala Asp Gln Val Val Lys Asn Glu Lys Leu Lys Pro Arg Val  
340 345 350

Gly Val Gly Lys Asn Cys Trp Ile Tyr Thr Gly Asp Met Thr Val Met  
355 360 365

Ile Tyr Phe Tyr Gly Pro Met Leu Leu Ile Ile Val Phe Asn Ile Thr  
370 375 380

Met Phe Val Pro Thr Ala Phe Arg Ile Met Lys Val Lys Lys Glu Ala  
385 390 395 400

Gln Asn Phe Thr Gln Gln Gln Lys Thr Thr Asn Arg Leu Asn Ser Asp  
405 410 415

Lys Gln Thr Tyr Ala Leu Phe Leu Arg Leu Phe Ile Ile Met Gly Leu

10

20

30

420                      425                      430  
 Ser Trp Ser Leu Glu Ile Ile Ser Phe Leu Leu Ser Lys Asn Gln Ala  
           435                      440                      445  
 Trp Ala Lys Ala Phe Met Val Ala Asp Tyr Phe Asn Trp Ser Gln Gly  
           450                      455                      460  
 Thr Ile Ile Phe Leu Leu Phe Val Leu Arg Pro Ser Thr Leu Lys Leu  
           465                      470                      475                      480  
 Leu Lys Glu Arg Ile Lys Gly Gly Arg Asp Glu Ala Gly Ala Ser Asp  
                           485                      490                      495  
 Glu His Ile Ser Leu Gln Asn Thr Lys Ile Asp Pro Ser Val Phe  
                           500                      505                      510

<210> 35  
 <211> 1500  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1500)  
 <223>

<400> 35  
 atg ata gcc aac ttg gtg agc atg gaa acg gac ttg gcc atg aac atc 48  
 Met Ile Ala Asn Leu Val Ser Met Glu Thr Asp Leu Ala Met Asn Ile  
 1                      5                      10                      15  
 ggc ctg gac act tcc ggt gaa gcc ccc aca gcc cta ccc ccg atg ccg 96  
 Gly Leu Asp Thr Ser Gly Glu Ala Pro Thr Ala Leu Pro Pro Met Pro  
                           20                      25                      30  
 aat gtc acc gag acg ctg tgg gat ctg gcc atg gtg gtc ggt cag tcc 144  
 Asn Val Thr Glu Thr Leu Trp Asp Leu Ala Met Val Val Gly Gln Ser  
                           35                      40                      45  
 aca cag tgg ccc ctc ctg gac acc gac tcc tcc gag aac ttc agc gaa 192  
 Thr Gln Trp Pro Leu Leu Asp Thr Asp Ser Ser Glu Asn Phe Ser Glu  
                           50                      55                      60  
 ctg gtc acc acc gag aca ccc tac gtg ccc tac ggc cgt cga ccg gaa 240  
 Leu Val Thr Thr Glu Thr Pro Tyr Val Pro Tyr Gly Arg Arg Pro Glu  
 65                      70                      75                      80  
 acc tac atc gtg ccc atc ctc ttt gcc ctg atc ttc gtg gtt ggt gtc 288  
 Thr Tyr Ile Val Pro Ile Leu Phe Ala Leu Ile Phe Val Val Gly Val  
                           85                      90                      95  
 ctg ggc aat ggc act ttg att gtg gtc ttc ctc agt gtg cga cag atg 336

10

20

30

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| Leu Gly Asn Gly Thr Leu Ile Val Val Phe Leu Ser Val Arg Gln Met |      |
| 100 105 110                                                     |      |
| cga aat gtt cca aac acc tat att tta tca ctg gcc ctg gcc gat ctg | 384  |
| Arg Asn Val Pro Asn Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Ala Leu Ala Asp Leu |      |
| 115 120 125                                                     |      |
| ctg gtt att ata acc act gtg ccg ctc gca tcc aca gtt tac aca gtt | 432  |
| Leu Val Ile Ile Thr Thr Val Pro Leu Ala Ser Thr Val Tyr Thr Val |      |
| 130 135 140                                                     |      |
| gag tat tgg cca tat ggc agc ttc ctc tgt agc ctg tgg gag ttc atg | 480  |
| Glu Tyr Trp Pro Tyr Gly Ser Phe Leu Cys Ser Leu Ser Glu Phe Met |      |
| 145 150 155 160                                                 |      |
| aag gat gtg tcc atc gga gtg tca gtg ttt acg ctg act gca tta tcc | 528  |
| Lys Asp Val Ser Ile Gly Val Ser Val Phe Thr Leu Thr Ala Leu Ser |      |
| 165 170 175                                                     |      |
| ggc gat cgg tac ttt gcc atc gtg gat cct ttg aga aag ttc cac gct | 576  |
| Gly Asp Arg Tyr Phe Ala Ile Val Asp Pro Leu Arg Lys Phe His Ala |      |
| 180 185 190                                                     |      |
| cat ggt ggt ggt cgt cgg gcc acc aga atg acc ttg gcc acc gcg gtt | 624  |
| His Gly Gly Gly Arg Arg Ala Thr Arg Met Thr Leu Ala Thr Ala Val |      |
| 195 200 205                                                     |      |
| tcc att tgg cta ctg gcc ata ctc tgc gga ctt cca gcg cta att gga | 672  |
| Ser Ile Trp Leu Leu Ala Ile Leu Cys Gly Leu Pro Ala Leu Ile Gly |      |
| 210 215 220                                                     |      |
| agt aac ctg aag cat ctc ggc ata aac gaa aag tcc ata gtc att tgc | 720  |
| Ser Asn Leu Lys His Leu Gly Ile Asn Glu Lys Ser Ile Val Ile Cys |      |
| 225 230 235 240                                                 |      |
| tat ccg tat ccg gag gag tgg ggc atc aac tac gcc aaa tcc atg gtc | 768  |
| Tyr Pro Tyr Pro Glu Glu Trp Gly Ile Asn Tyr Ala Lys Ser Met Val |      |
| 245 250 255                                                     |      |
| ctg ttg cac ttc ctg gtc tac tac gcc att cct ttg gtt gtc ata gca | 816  |
| Leu Leu His Phe Leu Val Tyr Tyr Ala Ile Pro Leu Val Val Ile Ala |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| gtt ttc tac gtg ctc atc gcc ctc cat ttg atg tat tgg gcc agt gtt | 864  |
| Val Phe Tyr Val Leu Ile Ala Leu His Leu Met Tyr Ser Ala Ser Val |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| cct ggt gaa att cag gga gct gtg cgt cag gtt cgt gcc cgt cgc aaa | 912  |
| Pro Gly Glu Ile Gln Gly Ala Val Arg Gln Val Arg Ala Arg Arg Lys |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| gtg gct gtt act gtg ctg gcc ttc gtt gtc atc ttt gga att tgc ttt | 960  |
| Val Ala Val Thr Val Leu Ala Phe Val Val Ile Phe Gly Ile Cys Phe |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| ctg ccc tac cac gtc ttc ttc ctc tgg ttc tac ttc tgg ccc acc gcc | 1008 |
| Leu Pro Tyr His Val Phe Phe Leu Trp Phe Tyr Phe Trp Pro Thr Ala |      |
| 325 330 335                                                     |      |

10

20

30

cag gat gat tac aat gcc ttc tgg cat gtg ctg cgc atc gtc gcc tac 1056  
 Gln Asp Asp Tyr Asn Ala Phe Trp His Val Leu Arg Ile Val Ala Tyr  
 340 345 350  
 tgc atg tcc ttt gcc aac agc tgt gcg aat cct gtg gcc cta tac ttc 1104  
 Cys Met Ser Phe Ala Asn Ser Cys Ala Asn Pro Val Ala Leu Tyr Phe  
 355 360 365  
 gtg agc ggc gcc ttt cgc aag cat ttc aat aga tat ctg ttt tgc cgc 1152  
 Val Ser Gly Ala Phe Arg Lys His Phe Asn Arg Tyr Leu Phe Cys Arg  
 370 375 380  
 gga gca agt gga cgg cgc aag aag cgc ggc cag cac gat acc ttc tgc 1200  
 Gly Ala Ser Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Gln His Asp Thr Phe Cys  
 385 390 395 400  
 atg cac cgg gac acc tcg ctg acc agc acg gcc tcc aag cgt ttc cag 1248  
 Met His Arg Asp Thr Ser Leu Thr Ser Thr Ala Ser Lys Arg Phe Gln  
 405 410 415  
 tcc cgt cac tcc tgc tac cag agc acc atc cgc agc tgt cgc ctg cag 1296  
 Ser Arg His Ser Cys Tyr Gln Ser Thr Ile Arg Ser Cys Arg Leu Gln  
 420 425 430  
 gaa aca acg ata acc acc ctg cca aat ggt ggg aat cag aat gga gcc 1344  
 Glu Thr Thr Ile Thr Thr Leu Pro Asn Gly Gly Asn Gln Asn Gly Ala  
 435 440 445  
 aac att tca gcc gtg gaa ttg gca ttg ccc gtg ctc caa gca cca ggt 1392  
 Asn Ile Ser Ala Val Glu Leu Ala Leu Pro Val Leu Gln Ala Pro Gly  
 450 455 460  
 cac aat gaa gca ccc gca ccg ccg tcc tac gga ttt ttg ccg ctt aac 1440  
 His Asn Glu Ala Pro Ala Pro Pro Ser Tyr Gly Phe Leu Pro Leu Asn  
 465 470 475 480  
 gag att gtc cag cag acc agg tcg agt ccg gcc aag ttc cag gaa tcg 1488  
 Glu Ile Val Gln Gln Thr Arg Ser Ser Pro Ala Lys Phe Gln Glu Ser  
 485 490 495  
 ctg ttg aac tga 1500  
 Leu Leu Asn

<210> 36  
 <211> 499  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 36

Met Ile Ala Asn Leu Val Ser Met Glu Thr Asp Leu Ala Met Asn Ile  
 1 5 10 15

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

10

20

30

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

10

20

30



Val Phe Tyr Val Leu Ile Ala Leu His Leu Met Tyr Ser Ala Ser Val  
 275 280 285  
 Pro Gly Glu Ile Gln Gly Ala Val Arg Gln Val Arg Ala Arg Arg Lys  
 290 295 300  
 Val Ala Val Thr Val Leu Ala Phe Val Val Ile Phe Gly Ile Cys Phe  
 305 310 315 320  
 Leu Pro Tyr His Val Phe Phe Leu Trp Phe Tyr Phe Trp Pro Thr Ala  
 325 330 335  
 Gln Asp Asp Tyr Asn Ala Phe Trp His Val Leu Arg Ile Val Ala Tyr  
 340 345 350  
 Cys Met Ser Phe Ala Asn Ser Cys Ala Asn Pro Val Ala Leu Tyr Phe  
 355 360 365  
 Val Ser Gly Ala Phe Arg Lys His Phe Asn Arg Tyr Leu Phe Cys Arg  
 370 375 380  
 Gly Ala Ser Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Gln His Asp Thr Phe Cys  
 385 390 395 400  
 Met His Arg Asp Thr Ser Leu Thr Ser Thr Ala Ser Lys Arg Phe Gln  
 405 410 415  
 Ser Arg His Ser Cys Tyr Gln Ser Thr Ile Arg Ser Cys Arg Leu Gln  
 420 425 430  
 Glu Thr Thr Ile Thr Thr Leu Pro Asn Gly Gly Asn Gln Asn Gly Ala  
 435 440 445  
 Asn Ile Ser Ala Val Glu Leu Ala Leu Pro Val Leu Gln Ala Pro Gly  
 450 455 460  
 His Asn Glu Ala Pro Ala Pro Pro Ser Tyr Gly Phe Leu Pro Leu Asn  
 465 470 475 480  
 Glu Ile Val Gln Gln Thr Arg Ser Ser Pro Ala Lys Phe Gln Glu Ser  
 485 490 495  
 Leu Leu Asn

10

20

30

<210> 37  
 <211> 2499  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2499)  
 <223>

<400> 37  
 atg gcg cac gag acc agc ttt aat gat gcg ctt gac tac att tac ata 48  
 Met Ala His Glu Thr Ser Phe Asn Asp Ala Leu Asp Tyr Ile Tyr Ile  
 1 5 10 15  
 gcg aac agc atg aat gac agg gcc ttt ctg ata gcc gaa ccg cat ccc 96  
 Ala Asn Ser Met Asn Asp Arg Ala Phe Leu Ile Ala Glu Pro His Pro  
 20 25 30  
 gaa cag ccg aat gtc gat ggt cag gac cag gac gac gcg gag ctg gag 144  
 Glu Gln Pro Asn Val Asp Gly Gln Asp Gln Asp Asp Ala Glu Leu Glu  
 35 40 45  
 gag ctg gaa gac atg gcg gtc acg gac gat gga cag ctg gag gat aca 192  
 Glu Leu Glu Asp Met Ala Val Thr Asp Asp Gly Gln Leu Glu Asp Thr  
 50 55 60  
 aat aac aac aac aac agc aag cgc tac tac agc tcc ggt aaa aga cga 240  
 Asn Asn Asn Asn Asn Ser Lys Arg Tyr Tyr Ser Ser Gly Lys Arg Arg  
 65 70 75 80  
 gcg gat ttc ata ggc acc ctg gcg ctg aag cca ccg ccc acc gat gcg 288  
 Ala Asp Phe Ile Gly Thr Leu Ala Leu Lys Pro Pro Pro Thr Asp Ala  
 85 90 95  
 aac acc acc acc acc acc gcc gcc tca cca ctg gcc acc gcc gct ttg 336  
 Asn Thr Thr Thr Thr Thr Ala Gly Ser Pro Leu Ala Thr Ala Ala Leu  
 100 105 110  
 gct gcg gca gcc gcc agt gcc tcg gtg gcg gca gcg gct gcc agg atc 384  
 Ala Ala Ala Ala Ala Ser Ala Ser Val Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ile  
 115 120 125  
 acc gcc aag gcg gca cac agg gca ctg acc acc aag cag gat gcc aca 432  
 Thr Ala Lys Ala Ala His Arg Ala Leu Thr Thr Lys Gln Asp Ala Thr  
 130 135 140  
 tcc acg cca gca tcc tct cca gcc ctc caa ctg atc gac atg gac aat 480  
 Ser Thr Pro Ala Ser Ser Pro Ala Leu Gln Leu Ile Asp Met Asp Asn  
 145 150 155 160  
 aac tac acg aat gtc gca gtc gga ctg gcc gtc atg ctg cta aat gac 528  
 Asn Tyr Thr Asn Val Ala Val Gly Leu Gly Val Met Leu Leu Asn Asp  
 165 170 175  
 acg ctc ctc ctc gaa gcc aac gat tcc agt ttg ttc gcc gag atg ctt 576

10

20

30

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| atc cat cgt cga cga ccg cgg ccc gtc gat gcg gcg gtc aat aat aat<br>Ile His Arg Arg Arg Pro Arg Pro Val Asp Ala Ala Val Asn Asn Asn<br>420 425 430     | 1296 |
| cag ccg gac gga ggt gcg gca aca gat acg aaa ctt cat cga ctg cgt<br>Gln Pro Asp Gly Gly Ala Ala Thr Asp Thr Lys Leu His Arg Leu Arg<br>435 440 445     | 1344 |
| cta cgc ctc ggc aga ttc tcc acg gcc aaa tcc aaa acc gga agt gcc<br>Leu Arg Leu Gly Arg Phe Ser Thr Ala Lys Ser Lys Thr Gly Ser Ala<br>450 455 460     | 1392 |
| gtg ggc gtc tca gga ccc gca tcc gga ggc agg gct ctg ggc ctc gtc<br>Val Gly Val Ser Gly Pro Ala Ser Gly Gly Arg Ala Leu Gly Leu Val<br>465 470 475 480 | 1440 |
| gat ggc aac tca acg aac acg gtc aac acc gtc gag gac acc gag ttc<br>Asp Gly Asn Ser Thr Asn Thr Val Asn Thr Val Glu Asp Thr Glu Phe<br>485 490 495     | 1488 |
| agc agc tcg aat gtg gac agc aaa agt cgg gca ggc gtc gag gca ccc<br>Ser Ser Ser Asn Val Asp Ser Lys Ser Arg Ala Gly Val Glu Ala Pro<br>500 505 510     | 1536 |
| agc act tct ggc aac cag ata gcc acc gta tcg cac ctg gtt gcg ctg<br>Ser Thr Ser Gly Asn Gln Ile Ala Thr Val Ser His Leu Val Ala Leu<br>515 520 525     | 1584 |
| gcc aag cag cag ggc aag tcc acc gcc aaa tcc tca gcc gct gtc aac<br>Ala Lys Gln Gln Gly Lys Ser Thr Ala Lys Ser Ser Ala Ala Val Asn<br>530 535 540     | 1632 |
| gga atg gcc cca tcg ggc agg caa gag gac gat ggc cag cga cca gaa<br>Gly Met Ala Pro Ser Gly Arg Gln Glu Asp Asp Gly Gln Arg Pro Glu<br>545 550 555 560 | 1680 |
| cac ggg gag cag gag gat cgc gag gag cta gtg gac cag gac gag cag<br>His Gly Glu Gln Glu Asp Arg Glu Glu Leu Val Asp Gln Asp Glu Gln<br>565 570 575     | 1728 |
| gtt ggc ccg cag ccc aca acc gca aca tca gca acg aca gcg gca ggc<br>Val Gly Pro Gln Pro Thr Thr Ala Thr Ser Ala Thr Thr Ala Ala Gly<br>580 585 590     | 1776 |
| acc aac gag tcg gag gac caa tgc aag gcc aac ggg gtg gag gtc ctg<br>Thr Asn Glu Ser Glu Asp Gln Cys Lys Ala Asn Gly Val Glu Val Leu<br>595 600 605     | 1824 |
| gag gat ccg cag ttg caa cag cag ctc gaa caa gtg cag cag ctg cag<br>Glu Asp Pro Gln Leu Gln Gln Gln Leu Glu Gln Val Gln Gln Leu Gln<br>610 615 620     | 1872 |
| aaa tcg gtt aaa tcc ggc ggt gga ggt ggt gcc agt acg tca aat gcc<br>Lys Ser Val Lys Ser Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ser Thr Ser Asn Ala<br>625 630 635 640 | 1920 |
| acc aca att acg tcg ata tca gcg cta tcg cca caa acg cca aca tcg<br>Thr Thr Ile Thr Ser Ile Ser Ala Leu Ser Pro Gln Thr Pro Thr Ser<br>645 650 655     | 1968 |

10

20

30

cag gga gtt gga atc gcc gcc gcc gcc gct gga ccg atg acg gcc aaa 2016  
 Gln Gly Val Gly Ile Ala Ala Ala Ala Gly Pro Met Thr Ala Lys  
 660 665 670  
 acc agc acg ctg acg agc tgc aac cag tgc cat ccg cta tgc ggc acc 2064  
 Thr Ser Thr Leu Thr Ser Cys Asn Gln Ser His Pro Leu Cys Gly Thr  
 675 680 685  
 gcc aac gaa tcc cca tgc aca cca gag cca cgt agc cga caa ccg acg 2112  
 Ala Asn Glu Ser Pro Ser Thr Pro Glu Pro Arg Ser Arg Gln Pro Thr  
 690 695 700  
 acc ccg cag cag cag ccg cat cag cag gcg cac cag cag cag cag cag 2160  
 Thr Pro Gln Gln Gln Pro His Gln Gln Ala His Gln Gln Gln Gln Gln  
 705 710 715 720  
 caa ctc tcc agc atc gcc aat ccg atg cag aag gtg aac aag cga aag 2208  
 Gln Leu Ser Ser Ile Ala Asn Pro Met Gln Lys Val Asn Lys Arg Lys  
 725 730 735  
 gag acc ctg gag gcc aaa agg gaa cgg aag gcg gcc aag acg ctg gcc 2256  
 Glu Thr Leu Glu Ala Lys Arg Glu Arg Lys Ala Ala Lys Thr Leu Ala  
 740 745 750  
 atc atc acc ggc gcc ttc gtc gtc tgc tgg ctg ccc ttc ttc gtc atg 2304  
 Ile Ile Thr Gly Ala Phe Val Val Cys Trp Leu Pro Phe Phe Val Met  
 755 760 765  
 gca ctg acc atg ccg ctc tgt gcc gcc tgc cag atc agc gat tcc gtt 2352  
 Ala Leu Thr Met Pro Leu Cys Ala Ala Cys Gln Ile Ser Asp Ser Val  
 770 775 780  
 gcc tgc ctc ttc ctt tgg ctg ggc tac ttc aac tcc acc ctc aat ccg 2400  
 Ala Ser Leu Phe Leu Trp Leu Gly Tyr Phe Asn Ser Thr Leu Asn Pro  
 785 790 795 800  
 gtt att tac acc atc ttc agt ccg gag ttc cga cag gcc ttc aag cgc 2448  
 Val Ile Tyr Thr Ile Phe Ser Pro Glu Phe Arg Gln Ala Phe Lys Arg  
 805 810 815  
 atc ctc ttc ggc ggc cac cga cca gtc cac tac cgc agc ggg aag ctc 2496  
 Ile Leu Phe Gly Gly His Arg Pro Val His Tyr Arg Ser Gly Lys Leu  
 820 825 830  
 tga 2499

<210> 38  
 <211> 832  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <400> 38

Met Ala His Glu Thr Ser Phe Asn Asp Ala Leu Asp Tyr Ile Tyr Ile  
 1 5 10 15

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

Ser Ser Ser Asn Val Asp Ser Lys Ser Arg Ala Gly Val Glu Ala Pro  
 500 505 510  
 Ser Thr Ser Gly Asn Gln Ile Ala Thr Val Ser His Leu Val Ala Leu  
 515 520 525  
 Ala Lys Gln Gln Gly Lys Ser Thr Ala Lys Ser Ser Ala Ala Val Asn  
 530 535 540  
 Gly Met Ala Pro Ser Gly Arg Gln Glu Asp Asp Gly Gln Arg Pro Glu  
 545 550 555 560  
 His Gly Glu Gln Glu Asp Arg Glu Glu Leu Val Asp Gln Asp Glu Gln  
 565 570 575  
 Val Gly Pro Gln Pro Thr Thr Ala Thr Ser Ala Thr Thr Ala Ala Gly  
 580 585 590  
 Thr Asn Glu Ser Glu Asp Gln Cys Lys Ala Asn Gly Val Glu Val Leu  
 595 600 605  
 Glu Asp Pro Gln Leu Gln Gln Gln Leu Glu Gln Val Gln Gln Leu Gln  
 610 615 620  
 Lys Ser Val Lys Ser Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ser Thr Ser Asn Ala  
 625 630 635 640  
 Thr Thr Ile Thr Ser Ile Ser Ala Leu Ser Pro Gln Thr Pro Thr Ser  
 645 650 655  
 Gln Gly Val Gly Ile Ala Ala Ala Ala Ala Gly Pro Met Thr Ala Lys  
 660 665 670  
 Thr Ser Thr Leu Thr Ser Cys Asn Gln Ser His Pro Leu Cys Gly Thr  
 675 680 685  
 Ala Asn Glu Ser Pro Ser Thr Pro Glu Pro Arg Ser Arg Gln Pro Thr  
 690 695 700  
 Thr Pro Gln Gln Gln Pro His Gln Gln Ala His Gln Gln Gln Gln Gln  
 705 710 715 720  
 Gln Leu Ser Ser Ile Ala Asn Pro Met Gln Lys Val Asn Lys Arg Lys

10

20

30



725                      730                      735

Glu Thr Leu Glu Ala Lys Arg Glu Arg Lys Ala Ala Lys Thr Leu Ala  
740                      745                      750

Ile Ile Thr Gly Ala Phe Val Val Cys Trp Leu Pro Phe Phe Val Met  
755                      760                      765

Ala Leu Thr Met Pro Leu Cys Ala Ala Cys Gln Ile Ser Asp Ser Val  
770                      775                      780

Ala Ser Leu Phe Leu Trp Leu Gly Tyr Phe Asn Ser Thr Leu Asn Pro  
785                      790                      795                      800

Val Ile Tyr Thr Ile Phe Ser Pro Glu Phe Arg Gln Ala Phe Lys Arg  
805                      810                      815

Ile Leu Phe Gly Gly His Arg Pro Val His Tyr Arg Ser Gly Lys Leu  
820                      825                      830

<210> 39  
<211> 2367  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2367)  
<223>

<400> 39  
atg gag ccg gtc atg agt ctg gca ttg gcc gcc cat gga ccg cct agc 48  
Met Glu Pro Val Met Ser Leu Ala Leu Ala Ala His Gly Pro Pro Ser  
1                      5                      10                      15

ata cta gag ccg ctg ttt agg acc gta acc acg agc aca acg acc acc 96  
Ile Leu Glu Pro Leu Phe Arg Thr Val Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr  
20                      25                      30

acc acc acg acg acc agc acg acg acg acg acg gcg agt cct gca ggg 144  
Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ser Pro Ala Gly  
35                      40                      45

tat tcg cca gga tac ccg ggc acc act cta ctg acc gcc ctg ttc gag 192  
Tyr Ser Pro Gly Tyr Pro Gly Thr Thr Leu Leu Thr Ala Leu Phe Glu  
50                      55                      60

aac ctg acg tcc acg gca gcg agc ggg cta tac gat ccc tat tcg gga 240  
Asn Leu Thr Ser Thr Ala Ala Ser Gly Leu Tyr Asp Pro Tyr Ser Gly  
65                      70                      75                      80

atg tac gga aac cag acg aac ggc acc atc ggc ttc gag acg aag gga 288

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|-----|
| Met | Tyr | Gly | Asn | Gln | Thr | Asn | Gly | Thr | Ile | Gly | Phe | Glu | Thr | Lys | Gly |  |     |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |  |     |
| cct | egg | tac | tca | ctg | gcc | tcc | atg | gtg | gtc | atg | ggc | ttc | gtg | gcg | gcg |  | 336 |
| Pro | Arg | Tyr | Ser | Leu | Ala | Ser | Met | Val | Val | Met | Gly | Phe | Val | Ala | Ala |  |     |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |  |     |
| att | ttg | agc | acg | gtg | acg | gtg | gcg | ggc | aat | gtc | atg | gtg | atg | ata | tcc |  | 384 |
| Ile | Leu | Ser | Thr | Val | Thr | Val | Ala | Gly | Asn | Val | Met | Val | Met | Ile | Ser |  |     |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |  |     |
| ttt | aag | atc | gac | aag | cag | ctg | cag | acg | atc | agc | aac | tac | ttc | ttg | ttc |  | 432 |
| Phe | Lys | Ile | Asp | Lys | Gln | Leu | Gln | Thr | Ile | Ser | Asn | Tyr | Phe | Leu | Phe |  |     |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |     |
| tcg | ctg | gcc | atc | gcg | gac | ttc | gcc | att | ggc | gct | ata | tcg | atg | ccg | ctt |  | 480 |
| Ser | Leu | Ala | Ile | Ala | Asp | Phe | Ala | Ile | Gly | Ala | Ile | Ser | Met | Pro | Leu |  |     |
|     | 145 |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     |     | 160 |  |     |
| ttt | gcg | gtg | acc | aca | atc | ctg | ggc | tac | tgg | ccc | ttg | ggt | ccc | atc | gtc |  | 528 |
| Phe | Ala | Val | Thr | Thr | Ile | Leu | Gly | Tyr | Trp | Pro | Leu | Gly | Pro | Ile | Val |  |     |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |  |     |
| tgc | gac | acc | tgg | ctg | gcc | ctg | gac | tac | ctg | gca | tcg | aat | gct | tca | gtg |  | 576 |
| Cys | Asp | Thr | Trp | Leu | Ala | Leu | Asp | Tyr | Leu | Ala | Ser | Asn | Ala | Ser | Val |  |     |
|     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |     |
| ctg | aac | ctg | ctg | atc | atc | agt | ttc | gat | cgg | tac | ttc | agt | gtc | act | cga |  | 624 |
| Leu | Asn | Leu | Leu | Ile | Ile | Ser | Phe | Asp | Arg | Tyr | Phe | Ser | Val | Thr | Arg |  |     |
|     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |     |
| ccg | ctg | acg | tac | cgc | gcc | aaa | agg | acc | acc | aac | cgg | gcg | gcg | gtg | atg |  | 672 |
| Pro | Leu | Thr | Tyr | Arg | Ala | Lys | Arg | Thr | Thr | Asn | Arg | Ala | Ala | Val | Met |  |     |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |     |
| att | ggc | gcc | gcc | tgg | ggc | atc | agc | ctg | ctc | ctc | tgg | ccg | ccc | tgg | atc |  | 720 |
| Ile | Gly | Ala | Ala | Trp | Gly | Ile | Ser | Leu | Leu | Leu | Trp | Pro | Pro | Trp | Ile |  |     |
|     | 225 |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |  |     |
| tac | agc | tgg | ccc | tac | atc | gag | ggc | aag | cgg | acg | gtg | ccc | aag | gac | gag |  | 768 |
| Tyr | Ser | Trp | Pro | Tyr | Ile | Glu | Gly | Lys | Arg | Thr | Val | Pro | Lys | Asp | Glu |  |     |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |  |     |
| tgc | tac | atc | cag | ttc | atc | gag | acc | aac | cag | tac | atc | acc | ttc | ggc | acg |  | 816 |
| Cys | Tyr | Ile | Gln | Phe | Ile | Glu | Thr | Asn | Gln | Tyr | Ile | Thr | Phe | Gly | Thr |  |     |
|     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |     |     |  |     |
| gca | ctg | gcc | gcc | ttc | tac | ttc | ccg | gtc | acc | atc | atg | tgc | ttc | ctc | tac |  | 864 |
| Ala | Leu | Ala | Ala | Phe | Tyr | Phe | Pro | Val | Thr | Ile | Met | Cys | Phe | Leu | Tyr |  |     |
|     | 275 |     |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |  |     |
| tgg | cgc | atc | tgg | cgc | gag | acg | aaa | aag | cgg | cag | aag | gac | ctg | ccc | aac |  | 912 |
| Trp | Arg | Ile | Trp | Arg | Glu | Thr | Lys | Lys | Arg | Gln | Lys | Asp | Leu | Pro | Asn |  |     |
|     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |  |     |
| ctg | cag | gcg | ggc | aag | aaa | gac | tcc | agc | aag | aga | tca | aac | agc | agt | gac |  | 960 |
| Leu | Gln | Ala | Gly | Lys | Lys | Asp | Ser | Ser | Lys | Arg | Ser | Asn | Ser | Ser | Asp |  |     |
|     | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |  |     |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| gaa aac acg gtg gtg aat cac gcc tct ggc ggc ctg ctg gcc ttc gcc<br>Glu Asn Thr Val Val Asn His Ala Ser Gly Gly Leu Leu Ala Phe Ala<br>325 330 335     | 1008 |
| cag gtg ggc gga aac gac cat gac acc tgg cga cgt ccg cgc tcc gag<br>Gln Val Gly Gly Asn Asp His Asp Thr Trp Arg Arg Pro Arg Ser Glu<br>340 345 350     | 1056 |
| agt tca gcg gac gcg gag agt gtc tac atg acc aac atg gtc atc gac<br>Ser Ser Ala Asp Ala Glu Ser Val Tyr Met Thr Asn Met Val Ile Asp<br>355 360 365     | 1104 |
| tcc ggc tac cac ggg atg cac tcg cgc aag tca agc atc aaa agc acg<br>Ser Gly Tyr His Gly Met His Ser Arg Lys Ser Ser Ile Lys Ser Thr<br>370 375 380     | 1152 |
| aat aca atc aaa aaa tcg tac acc tgc ttc ggc agc atc aag gag tgg<br>Asn Thr Ile Lys Lys Ser Tyr Thr Cys Phe Gly Ser Ile Lys Glu Trp<br>385 390 395 400 | 1200 |
| tgc att gcg tgg tgg cac tcc ggt cgc gag gac tcc gac gac ttc gcc<br>Cys Ile Ala Trp Trp His Ser Gly Arg Leu Gly Cys Thr Ser Met Asn Val<br>405 410 415 | 1248 |
| tac gag cag gag gag cct tct gat tta gga tgc acc tcg atg aac gtg<br>Tyr Glu Gln Glu Glu Pro Ser Asp Leu Gly Cys Thr Ser Met Asn Val<br>420 425 430     | 1296 |
| atg cgg gac aac tac tcg atg ggc ggc agc gtg agc ggc gtg cgt ccg<br>Met Arg Asp Asn Tyr Ser Met Gly Gly Ser Val Ser Gly Val Arg Pro<br>435 440 445     | 1344 |
| ccc agc att ctc ctg tcg gat gtc tcg ccc acg ccg ctg cca cgc cca<br>Pro Ser Ile Leu Leu Ser Asp Val Ser Pro Thr Pro Leu Pro Arg Pro<br>450 455 460     | 1392 |
| ccg ctt gcc tcc atc tcg cag ctg cag gaa atg agt gcg gtt acg gcg<br>Pro Leu Ala Ser Ile Ser Gln Leu Gln Glu Met Ser Ala Val Thr Ala<br>465 470 475 480 | 1440 |
| agc aca acg gcg aat gtg aat acc agt ggc aat ggc aat ggc gcc atc<br>Ser Thr Thr Ala Asn Val Asn Thr Ser Gly Asn Gly Asn Gly Ala Ile<br>485 490 495     | 1488 |
| aac aac aac aac aac gcc agc cac aac ggc aac ggc gca gtg aac ggc<br>Asn Asn Asn Asn Asn Ala Ser His Asn Gly Asn Gly Ala Val Asn Gly<br>500 505 510     | 1536 |
| aat ggg gcc gga aac gga agt gga atc gga ctg ggt aca acc gga aat<br>Asn Gly Ala Gly Asn Gly Ser Gly Ile Gly Leu Gly Thr Thr Gly Asn<br>515 520 525     | 1584 |
| gcg acg cac cgc gac tcg cgc act ctg ccc gtt atc aat cgc att aac<br>Ala Thr His Arg Asp Ser Arg Thr Leu Pro Val Ile Asn Arg Ile Asn<br>530 535 540     | 1632 |
| tcg cgg tcg gtg agc cag gac tcc gtg tac acg ata ctc atc cgc ctg<br>Ser Arg Ser Val Ser Gln Asp Ser Val Tyr Thr Ile Leu Ile Arg Leu<br>545 550 555 560 | 1680 |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| cct tcc gac ggc gca tcc agc aac gcg gcc aac gga gga ggg ggt ggc<br>Pro Ser Asp Gly Ala Ser Ser Asn Ala Ala Asn Gly Gly Gly Gly Gly<br>565 570 575     | 1728 |
| cct ggt gcc ggg gca gct gcc tcc gcg tcc ttg agc atg caa ggc gac<br>Pro Gly Ala Gly Ala Ala Ala Ser Ala Ser Leu Ser Met Gln Gly Asp<br>580 585 590     | 1776 |
| tgt gcg ccc tcc atc aag atg ata cac gag gac ggg ccc acg acg acg<br>Cys Ala Pro Ser Ile Lys Met Ile His Glu Asp Gly Pro Thr Thr Thr<br>595 600 605     | 1824 |
| gca gcg gca gct cct ttg gcg agc gcc gca gcc aca cga cga cct ttg<br>Ala Ala Ala Ala Pro Leu Ala Ser Ala Ala Ala Thr Arg Arg Pro Leu<br>610 615 620     | 1872 |
| ccc tcg cga gac tct gag ttc agc ctg cca ctc gga cgg agg atg tcc<br>Pro Ser Arg Asp Ser Glu Phe Ser Leu Pro Leu Gly Arg Arg Met Ser<br>625 630 635 640 | 1920 |
| cat gcc cag cac gat gcc agg cta ctc aac gcc aag gtc ata ccc aag<br>His Ala Gln His Asp Ala Arg Leu Leu Asn Ala Lys Val Ile Pro Lys<br>645 650 655     | 1968 |
| cag ctg ggc aag gct ggg ggc ggg gca gcg ggc ggc gga gtg ggc gga<br>Gln Leu Gly Lys Ala Gly Gly Gly Ala Ala Gly Gly Val Gly Gly<br>660 665 670         | 2016 |
| gcc cac gcc ctc atg aac gcc cgc aat gct gcc aag aag aaa aag aaa<br>Ala His Ala Leu Met Asn Ala Arg Asn Ala Ala Lys Lys Lys Lys Lys<br>675 680 685     | 2064 |
| tcg caa gag aag cgg cag gag tcg aag gcg gcc aag acg ctg tcg gct<br>Ser Gln Glu Lys Arg Gln Glu Ser Lys Ala Ala Lys Thr Leu Ser Ala<br>690 695 700     | 2112 |
| atc ctg ctg agc ttc atc atc acg tgg act ccg tac aac atc ctg gtg<br>Ile Leu Leu Ser Phe Ile Ile Thr Trp Thr Pro Tyr Asn Ile Leu Val<br>705 710 715 720 | 2160 |
| ctg atc aag cgg ctg acc acc tgc tcc gac tgc ata ccc acg gag ctg<br>Leu Ile Lys Pro Leu Thr Thr Cys Ser Asp Cys Ile Pro Thr Glu Leu<br>725 730 735     | 2208 |
| tgg gac ttt ttc tac gcc ctg tgc tac atc aac tcg acg atc aac ccc<br>Trp Asp Phe Phe Tyr Ala Leu Cys Tyr Ile Asn Ser Thr Ile Asn Pro<br>740 745 750     | 2256 |
| atg tgc tac gcc ttg tgc aac gcc acc ttc cgg aga acc tac gtc cgg<br>Met Cys Tyr Ala Leu Cys Asn Ala Thr Phe Arg Arg Thr Tyr Val Arg<br>755 760 765     | 2304 |
| atc ctc acc tgc aag tgg cac acc cgg aac cgc gag ggc atg gta cgc<br>Ile Leu Thr Cys Lys Trp His Thr Arg Asn Arg Glu Gly Met Val Arg<br>770 775 780     | 2352 |
| ggc gtc tac aat tag<br>Gly Val Tyr Asn                                                                                                                | 2367 |

10

20

30

785

<210> 40  
 <211> 788  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 40

Met Glu Pro Val Met Ser Leu Ala Leu Ala Ala His Gly Pro Pro Ser  
 1 5 10 15

Ile Leu Glu Pro Leu Phe Arg Thr Val Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr  
 20 25 30

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

Tyr Ser Pro Gly Tyr Pro Gly Thr Thr Leu Leu Thr Ala Leu Phe Glu  
 50 55 60

Asn Leu Thr Ser Thr Ala Ala Ser Gly Leu Tyr Asp Pro Tyr Ser Gly  
 65 70 75 80

Met Tyr Gly Asn Gln Thr Asn Gly Thr Ile Gly Phe Glu Thr Lys Gly  
 85 90 95

Pro Arg Tyr Ser Leu Ala Ser Met Val Val Met Gly Phe Val Ala Ala  
 100 105 110

Ile Leu Ser Thr Val Thr Val Ala Gly Asn Val Met Val Met Ile Ser  
 115 120 125

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

Ser Leu Ala Ile Ala Asp Phe Ala Ile Gly Ala Ile Ser Met Pro Leu  
 145 150 155 160

Phe Ala Val Thr Thr Ile Leu Gly Tyr Trp Pro Leu Gly Pro Ile Val  
 165 170 175

Cys Asp Thr Trp Leu Ala Leu Asp Tyr Leu Ala Ser Asn Ala Ser Val  
 180 185 190

Leu Asn Leu Leu Ile Ile Ser Phe Asp Arg Tyr Phe Ser Val Thr Arg

10

20

30

| 195                                                                                | 200 | 205 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Pro Leu Thr Tyr Arg Ala Lys Arg Thr Thr Asn Arg Ala Ala Val Met<br>210 215 220     |     |     |
| Ile Gly Ala Ala Trp Gly Ile Ser Leu Leu Leu Trp Pro Pro Trp Ile<br>225 230 235 240 |     |     |
| Tyr Ser Trp Pro Tyr Ile Glu Gly Lys Arg Thr Val Pro Lys Asp Glu<br>245 250 255     |     |     |
| Cys Tyr Ile Gln Phe Ile Glu Thr Asn Gln Tyr Ile Thr Phe Gly Thr<br>260 265 270     |     |     |
| Ala Leu Ala Ala Phe Tyr Phe Pro Val Thr Ile Met Cys Phe Leu Tyr<br>275 280 285     |     |     |
| Trp Arg Ile Trp Arg Glu Thr Lys Lys Arg Gln Lys Asp Leu Pro Asn<br>290 295 300     |     |     |
| Leu Gln Ala Gly Lys Lys Asp Ser Ser Lys Arg Ser Asn Ser Ser Asp<br>305 310 315 320 |     |     |
| Glu Asn Thr Val Val Asn His Ala Ser Gly Gly Leu Leu Ala Phe Ala<br>325 330 335     |     |     |
| Gln Val Gly Gly Asn Asp His Asp Thr Trp Arg Arg Pro Arg Ser Glu<br>340 345 350     |     |     |
| Ser Ser Ala Asp Ala Glu Ser Val Tyr Met Thr Asn Met Val Ile Asp<br>355 360 365     |     |     |
| Ser Gly Tyr His Gly Met His Ser Arg Lys Ser Ser Ile Lys Ser Thr<br>370 375 380     |     |     |
| Asn Thr Ile Lys Lys Ser Tyr Thr Cys Phe Gly Ser Ile Lys Glu Trp<br>385 390 395 400 |     |     |
| Cys Ile Ala Trp Trp His Ser Gly Arg Glu Asp Ser Asp Asp Phe Ala<br>405 410 415     |     |     |
| Tyr Glu Gln Glu Glu Pro Ser Asp Leu Gly Cys Thr Ser Met Asn Val<br>420 425 430     |     |     |

10

20

30

Met Arg Asp Asn Tyr Ser Met Gly Gly Ser Val Ser Gly Val Arg Pro  
 435 440 445  
 Pro Ser Ile Leu Leu Ser Asp Val Ser Pro Thr Pro Leu Pro Arg Pro  
 450 455 460  
 Pro Leu Ala Ser Ile Ser Gln Leu Gln Glu Met Ser Ala Val Thr Ala  
 465 470 475 480  
 Ser Thr Thr Ala Asn Val Asn Thr Ser Gly Asn Gly Asn Gly Ala Ile  
 485 490 495  
 Asn Asn Asn Asn Asn Ala Ser His Asn Gly Asn Gly Ala Val Asn Gly  
 500 505 510  
 Asn Gly Ala Gly Asn Gly Ser Gly Ile Gly Leu Gly Thr Thr Gly Asn  
 515 520 525  
 Ala Thr His Arg Asp Ser Arg Thr Leu Pro Val Ile Asn Arg Ile Asn  
 530 535 540  
 Ser Arg Ser Val Ser Gln Asp Ser Val Tyr Thr Ile Leu Ile Arg Leu  
 545 550 555 560  
 Pro Ser Asp Gly Ala Ser Ser Asn Ala Ala Asn Gly Gly Gly Gly Gly  
 565 570 575  
 Pro Gly Ala Gly Ala Ala Ala Ser Ala Ser Leu Ser Met Gln Gly Asp  
 580 585 590  
 Cys Ala Pro Ser Ile Lys Met Ile His Glu Asp Gly Pro Thr Thr Thr  
 595 600 605  
 Ala Ala Ala Ala Pro Leu Ala Ser Ala Ala Ala Thr Arg Arg Pro Leu  
 610 615 620  
 Pro Ser Arg Asp Ser Glu Phe Ser Leu Pro Leu Gly Arg Arg Met Ser  
 625 630 635 640  
 His Ala Gln His Asp Ala Arg Leu Leu Asn Ala Lys Val Ile Pro Lys  
 645 650 655  
 Gln Leu Gly Lys Ala Gly Gly Gly Ala Ala Gly Gly Gly Val Gly Gly  
 660 665 670

10

20

30

Ala His Ala Leu Met Asn Ala Arg Asn Ala Ala Lys Lys Lys Lys Lys  
675 680 685

Ser Gln Glu Lys Arg Gln Glu Ser Lys Ala Ala Lys Thr Leu Ser Ala  
690 695 700

Ile Leu Leu Ser Phe Ile Ile Thr Trp Thr Pro Tyr Asn Ile Leu Val  
705 710 715 720

Leu Ile Lys Pro Leu Thr Thr Cys Ser Asp Cys Ile Pro Thr Glu Leu  
725 730 735

Trp Asp Phe Phe Tyr Ala Leu Cys Tyr Ile Asn Ser Thr Ile Asn Pro  
740 745 750

Met Cys Tyr Ala Leu Cys Asn Ala Thr Phe Arg Arg Thr Tyr Val Arg  
755 760 765

Ile Leu Thr Cys Lys Trp His Thr Arg Asn Arg Glu Gly Met Val Arg  
770 775 780

Gly Val Tyr Asn  
785

<210> 41  
<211> 1953  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1953)  
<223>

<400> 41  
atg gat cta aag act ggc tct ctc ctg gta gca ccc gcc gtg aag aac 48  
Met Asp Leu Lys Thr Gly Ser Leu Leu Val Ala Pro Ala Val Lys Asn  
1 5 10 15  
tcc agc tgc tcg cat ccg cgc tac tcc ggc cac aat ttc atc gcc cac 96  
Ser Ser Cys Ser His Pro Arg Tyr Ser Gly His Asn Phe Ile Ala His  
20 25 30  
ata ggg att gcg gag acc atc gag gcg gtg ctc atc ctg gtc ctc aca 144  
Ile Gly Ile Ala Glu Thr Ile Glu Ala Val Leu Ile Leu Val Leu Thr  
35 40 45  
ctg ggc gtc atc ggg gcc aac tgc ctg gtc atc ttc gtc atc aac aac 192  
Leu Gly Val Ile Gly Ala Asn Cys Leu Val Ile Phe Val Ile Asn Asn  
50 55 60

10

20

30



|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| cgc cgc tat gcg gcc tac ata cac caa cag ccc cgt tat ctg ctc acc<br>Arg Arg Tyr Ala Ala Tyr Ile His Gln Gln Pro Arg Tyr Leu Leu Thr<br>65 70 75 80     | 240 |
| tcg ctg gcc ctg aat gac ctg aca att ggt ctg cta att aca cca ttc<br>Ser Leu Ala Leu Asn Asp Leu Thr Ile Gly Leu Leu Ile Thr Pro Phe<br>85 90 95        | 288 |
| ggc cta atg ccg gca ttg ttc cac tgc tgg ccg tac gga gag atc ttc<br>Gly Leu Met Pro Ala Leu Phe His Cys Trp Pro Tyr Gly Glu Ile Phe<br>100 105 110     | 336 |
| tgt cag ata cag gcc ctg ctc cga ggg gcg ctt tcc cag cag agc gcc<br>Cys Gln Ile Gln Ala Leu Leu Arg Gly Ala Leu Ser Gln Gln Ser Ala<br>115 120 125     | 384 |
| gtc atc ctg gtt tgc atg gca gtc gat aga tac atg tgt gcc ctg cat<br>Val Ile Leu Val Cys Met Ala Val Asp Arg Tyr Met Cys Ala Leu His<br>130 135 140     | 432 |
| ccg cgc cgc tac tac cag cac tcc agc aag aag ggc tgc gtg gcc ata<br>Pro Arg Arg Tyr Tyr Gln His Ser Ser Lys Lys Gly Cys Val Ala Ile<br>145 150 155 160 | 480 |
| ctg agc tta acc tgg att atc agc ctg acg gtg ttt ggc ttt ctg gtg<br>Leu Ser Leu Thr Trp Ile Ile Ser Leu Thr Val Phe Gly Phe Leu Val<br>165 170 175     | 528 |
| ctg ccc aaa ggt tac tac ttc aac aat acg ggt cta atg gcc tgc gag<br>Leu Pro Lys Gly Tyr Tyr Phe Asn Asn Thr Gly Leu Met Ala Cys Glu<br>180 185 190     | 576 |
| ccc ttc tac agc aag cca tcc tac agg ata ctg tcc acg tgc gcc ctc<br>Pro Phe Tyr Ser Lys Pro Ser Tyr Arg Ile Leu Ser Thr Cys Ala Leu<br>195 200 205     | 624 |
| tac ttt ccc acg acg atg gtg ctg atg tac tgc tac ggc tcc agc ttc<br>Tyr Phe Pro Thr Thr Met Val Leu Met Tyr Cys Tyr Gly Ser Ser Phe<br>210 215 220     | 672 |
| cac atg agc cgc ttc cgg cta aac gat ccg acc atg ccc ctc acg gcg<br>His Met Ser Arg Phe Arg Leu Asn Asp Pro Thr Met Pro Leu Thr Ala<br>225 230 235 240 | 720 |
| gcc gcc cac cac ccc cat ccg cac cca cat ccc acc gcc gcc cag cag<br>Ala Ala His His Pro His Pro His Pro His Pro Thr Ala Ala Gln Gln<br>245 250 255     | 768 |
| ctg cag atg cac cag cac cag caa cat cac cag cag gcg gga atg cac<br>Leu Gln Met His Gln His Gln Gln His His Gln Gln Ala Gly Met His<br>260 265 270     | 816 |
| tcg cac ctc tac cac ggc cac tcg cat cac ccc agc cac ccc agt cac<br>Ser His Leu Tyr His Gly His Ser His His Pro Ser His Pro Ser His<br>275 280 285     | 864 |
| cca aac cac ccc aac cac cac ggc cac ccc cac cat cat gga ccg ccc<br>Pro Asn His Pro Asn His His Gly His Pro His His His Gly Pro Pro<br>290 295 300     | 912 |

10

20

30

| 290                                                                                                                                                   | 295 | 300 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| gtt atg ggc cat ctc agc atg gcc atg agc atg gga ctg gcc ggc atg<br>Val Met Gly His Leu Ser Met Ala Met Ser Met Gly Leu Ala Gly Met<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| ccg aac atg aca aac aag att acc aaa aag att gtt ccc atc caa gag<br>Pro Asn Met Thr Asn Lys Ile Thr Lys Ile Val Pro Ile Gln Glu<br>325 330 335         |     |     | 1008 |
| aag aac tcc agc gga tcc acc tcg cgc tcg atg gcc gcc att tca ctg<br>Lys Asn Ser Ser Gly Ser Thr Ser Arg Ser Met Ala Ala Ile Ser Leu<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| ggc ttc ata gtg atg gtc act ccg tgg acg att cag gaa ata gtc acc<br>Gly Phe Ile Val Met Val Thr Pro Trp Thr Ile Gln Glu Ile Val Thr<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| gcc tgc acg gga tcc aag ctg ccg ccg ttc ctc gat ttc ctg gtc acc<br>Ala Cys Thr Gly Ser Lys Leu Pro Pro Phe Leu Asp Phe Leu Val Thr<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| tgg acg gcg ctg agc aat agt ctg tgg aac ccg ttc atg tac tgg ctg<br>Trp Thr Ala Leu Ser Asn Ser Leu Trp Asn Pro Phe Met Tyr Trp Leu<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| ctg aac tcc gat ttc cgc cgc atg agt cgc cag ctg atg ccg aac aaa<br>Leu Asn Ser Asp Phe Arg Arg Met Ser Arg Gln Leu Met Pro Asn Lys<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| tgc ttc ccc cac gag gat acg ccc gag cac aaa tca ggc tgt tgt cac<br>Cys Phe Pro His Glu Asp Thr Pro Glu His Lys Ser Gly Cys Cys His<br>420 425 430     |     |     | 1296 |
| atc aat gct aac gat ttc gaa atc aca acg ctt ccg att ccc ccg gag<br>Ile Asn Ala Asn Asp Phe Glu Ile Thr Thr Leu Pro Ile Pro Pro Glu<br>435 440 445     |     |     | 1344 |
| ccg cca tca tcc cgt cct ccg gcc gga gca gga gga gga ggt gga ggt<br>Pro Pro Ser Ser Arg Pro Pro Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly<br>450 455 460     |     |     | 1392 |
| cca tcc agt gga ggt ccc agc tct gcc gcc gga gtg gcc agt tcc att<br>Pro Ser Ser Gly Gly Pro Ser Ser Gly Gly Gly Val Ala Ser Ser Ile<br>465 470 475 480 |     |     | 1440 |
| ggc gcc tcc gtc ctt gga atc tgc gcc cgc tcg cgc aca aac agc ctc<br>Gly Gly Ser Val Leu Gly Ile Cys Gly Arg Ser Arg Thr Asn Ser Leu<br>485 490 495     |     |     | 1488 |
| agc cgc agc gcc tcc cag tac atc cga ggg aca atg gcc gga gga gtc<br>Ser Arg Ser Ala Ser Gln Tyr Ile Arg Gly Thr Met Gly Gly Gly Val<br>500 505 510     |     |     | 1536 |
| cac aat cac cag gcc acg gaa gcc ttc tcc acc acg agg cct gac att<br>His Asn His Gln Ala Thr Glu Ala Phe Ser Thr Thr Arg Pro Asp Ile<br>515 520 525     |     |     | 1584 |
| gag gcc ctc tcc gag aag tac tgg gcc gag atc ctg gag aga acc gtc                                                                                       |     |     | 1632 |

10

20

30

Glu Gly Leu Ser Glu Lys Tyr Trp Gly Glu Ile Leu Glu Arg Thr Val  
 530 535 540  
 agc tcg ggc aac ctg aat gcc atg cag aag cac ctg ccg ccc cac ctg 1680  
 Ser Ser Gly Asn Leu Asn Ala Met Gln Lys His Leu Pro Pro His Leu  
 545 550 555 560  
 ccc tac gcc cac cac ctg gtc cac cag atc cac cag ccg cag cag cac 1728  
 Pro Tyr Ala His His Leu Val His Gln Ile His Gln Pro Gln Gln His  
 565 570 575  
 cac caa cag cag acc acc tcc ttc agc aag gcc agc gat ctg cag cta 1776  
 His Gln Gln Gln Thr Thr Ser Phe Ser Lys Ala Ser Asp Leu Gln Leu  
 580 585 590  
 aac ctg aac ctc agc caa gca gcc acg gct gcc gag ctg ggc aag ttc 1824  
 Asn Leu Asn Leu Ser Gln Ala Ala Thr Ala Ala Glu Leu Gly Lys Phe  
 595 600 605  
 tcc aac tcg gag ccg aag ctg tgc gag cac ctc ttt cac gac gtg aac 1872  
 Ser Asn Ser Glu Pro Lys Leu Cys Glu His Leu Phe His Asp Val Asn  
 610 615 620  
 tgc gcc aag agc aag gcc gcc aac ggg gat ggg gag tcc tcc ggc aag 1920  
 Cys Ala Lys Ser Lys Ala Ala Asn Gly Asp Gly Glu Ser Ser Gly Lys  
 625 630 635 640  
 ctg gcc tgc ggt cgc agc att ccg gac atc tag 1953  
 Leu Ala Cys Gly Arg Ser Ile Pro Asp Ile  
 645 650

<210> 42  
 <211> 650  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 42

Met Asp Leu Lys Thr Gly Ser Leu Leu Val Ala Pro Ala Val Lys Asn  
 1 5 10 15

Ser Ser Cys Ser His Pro Arg Tyr Ser Gly His Asn Phe Ile Ala His  
 20 25 30

Ile Gly Ile Ala Glu Thr Ile Glu Ala Val Leu Ile Leu Val Leu Thr  
 35 40 45

Leu Gly Val Ile Gly Ala Asn Cys Leu Val Ile Phe Val Ile Asn Asn  
 50 55 60

Arg Arg Tyr Ala Ala Tyr Ile His Gln Gln Pro Arg Tyr Leu Leu Thr  
 65 70 75 80

10

20

30

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

10

20

30

Pro Asn Met Thr Asn Lys Ile Thr Lys Lys Ile Val Pro Ile Gln Glu  
 325 330 335

Lys Asn Ser Ser Gly Ser Thr Ser Arg Ser Met Ala Ala Ile Ser Leu  
 340 345 350

Gly Phe Ile Val Met Val Thr Pro Trp Thr Ile Gln Glu Ile Val Thr  
 355 360 365

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

Trp Thr Ala Leu Ser Asn Ser Leu Trp Asn Pro Phe Met Tyr Trp Leu  
 385 390 395 400

Leu Asn Ser Asp Phe Arg Arg Met Ser Arg Gln Leu Met Pro Asn Lys  
 405 410 415

Cys Phe Pro His Glu Asp Thr Pro Glu His Lys Ser Gly Cys Cys His  
 420 425 430

Ile Asn Ala Asn Asp Phe Glu Ile Thr Thr Leu Pro Ile Pro Pro Glu  
 435 440 445

Pro Pro Ser Ser Arg Pro Pro Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly  
 450 455 460

Pro Ser Ser Gly Gly Pro Ser Ser Gly Gly Gly Val Ala Ser Ser Ile  
 465 470 475 480

Gly Gly Ser Val Leu Gly Ile Cys Gly Arg Ser Arg Thr Asn Ser Leu  
 485 490 495

Ser Arg Ser Ala Ser Gln Tyr Ile Arg Gly Thr Met Gly Gly Gly Val  
 500 505 510

His Asn His Gln Ala Thr Glu Ala Phe Ser Thr Thr Arg Pro Asp Ile  
 515 520 525

Glu Gly Leu Ser Glu Lys Tyr Trp Gly Glu Ile Leu Glu Arg Thr Val  
 530 535 540

Ser Ser Gly Asn Leu Asn Ala Met Gln Lys His Leu Pro Pro His Leu  
 545 550 555 560

10

20

30

10

20

30

|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| <400> | 43  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| atg   | gtc | tcg | cca | ttg | ata | att | ctt | tta | att | att | tgg | ctc | tcc | gtg | ggc | 48  |
| Met   | Val | Ser | Pro | Leu | Ile | Ile | Leu | Leu | Ile | Ile | Trp | Leu | Ser | Val | Gly |     |
| 1     |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| gca   | aag | tcc | gtg | gag | atc | gcc | agt | ata | aac | cat | ccc | tgt | gcc | tac | gcc | 96  |
| Ala   | Lys | Ser | Val | Glu | Ile | Ala | Ser | Ile | Asn | His | Pro | Cys | Ala | Tyr | Ala |     |
|       |     |     |     | 20  |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| cac   | acg | gtc | aac | att | acg | gat | ggg | ctg | cgg | atg | aag | gat | ggc | tcc | tac | 144 |
| His   | Thr | Val | Asn | Ile | Thr | Asp | Gly | Leu | Arg | Met | Lys | Asp | Gly | Ser | Tyr |     |
|       |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| tca   | tac | gct | gga | gta | gtg | gtc | cca | cgg | cat | ctg | atg | gcg | gag | tac | tcc | 192 |
| Ser   | Tyr | Ala | Gly | Val | Val | Val | Pro | Pro | His | Leu | Met | Ala | Glu | Tyr | Ser |     |
|       | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ttc   | aag | gtg | atc | gat | gga | gtg | gag | tac | cgg | gcc | aag | aaa | cat | ctg | cgc | 240 |
| Phe   | Lys | Val | Ile | Asp | Gly | Val | Glu | Tyr | Arg | Ala | Lys | Lys | His | Leu | Arg |     |
| 65    |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ggc   | tgc | gtc | tgt | ctg | ctg | aag | ccc | tgc | atc | agt | ttc | tgt | tgt | cgc | gag | 288 |
| Gly   | Cys | Val | Cys | Leu | Leu | Lys | Pro | Cys | Ile | Ser | Phe | Cys | Cys | Pro | Glu |     |

| 85  |     |     |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |      |  |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|--|
| aac | ctc | gtc | ttt | gat | gcc | aag | cac | tgg | aac | tgc | aca | atg | cca | cac | caa | 336  |  |  |
| Asn | Leu | Val | Phe | Asp | Ala | Lys | His | Trp | Asn | Cys | Thr | Met | Pro | His | Gln |      |  |  |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |      |  |  |
| gtc | cgc | gag | tcc | act | cac | gtg | gag | ctc | acc | tac | gct | aac | agg | acg | gtg | 384  |  |  |
| Val | Arg | Glu | Ser | Thr | His | Val | Glu | Leu | Thr | Tyr | Ala | Asn | Arg | Thr | Val |      |  |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |      |  |  |
| gat | caa | gta | cgc | ata | cgc | gat | cgt | ttt | gtg | gtg | cgc | aca | gag | ctg | ggc | 432  |  |  |
| Asp | Gln | Val | Arg | Ile | Arg | Asp | Arg | Phe | Val | Val | Arg | Thr | Glu | Leu | Gly |      |  |  |
|     |     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |      |  |  |
| tgc | cgg | aac | aaa | ttc | gtg | gac | aaa | aag | cac | gat | aac | ttc | tgg | caa | tgg | 480  |  |  |
| Cys | Arg | Asn | Lys | Phe | Val | Asp | Lys | Lys | His | Asp | Asn | Phe | Trp | Gln | Trp |      |  |  |
|     |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |      |  |  |
| gac | ctc | ttc | gag | aat | gga | acg | ctg | cgg | cgg | gac | aat | cgt | ctg | tgg | tca | 528  |  |  |
| Asp | Leu | Phe | Glu | Asn | Gly | Thr | Leu | Arg | Arg | Asp | Asn | Arg | Leu | Trp | Ser |      |  |  |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |      |  |  |
| acg | gat | gag | tat | tgc | ttt | agc | ccg | ttg | gag | cac | aat | ccg | gag | cag | tgg | 576  |  |  |
| Thr | Asp | Glu | Tyr | Cys | Phe | Ser | Pro | Leu | Glu | His | Asn | Pro | Glu | Gln | Trp |      |  |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |      |  |  |
| gag | ctc | act | ccg | ctc | aac | tgc | gaa | cgc | ttt | caa | acg | ggg | tac | cgg | gtt | 624  |  |  |
| Glu | Leu | Thr | Pro | Leu | Asn | Cys | Glu | Arg | Phe | Gln | Thr | Gly | Tyr | Arg | Val |      |  |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |      |  |  |
| tgg | att | tac | gcc | att | tgc | agt | att | ata | gcc | atc | att | ata | aac | att | ttc | 672  |  |  |
| Trp | Ile | Tyr | Ala | Ile | Cys | Ser | Ile | Ile | Ala | Ile | Ile | Ile | Asn | Ile | Phe |      |  |  |
|     |     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |      |  |  |
| ata | ctc | tcc | cta | ctt | gga | tct | gtg | aga | gat | gcc | cgt | aaa | agc | cac | tat | 720  |  |  |
| Ile | Leu | Ser | Leu | Leu | Gly | Ser | Val | Arg | Asp | Ala | Arg | Lys | Ser | His | Tyr |      |  |  |
|     |     |     |     | 230 |     |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |      |  |  |
| ggc | cag | tta | atc | atc | tac | tac | ttg | ctg | tcc | atg | atc | ggt | ggc | tac | tcc | 768  |  |  |
| Gly | Gln | Leu | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Leu | Leu | Ser | Met | Ile | Val | Gly | Tyr | Ser |      |  |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |  |  |
| ctg | ttg | gtc | tac | ttg | gcc | ttg | aag | aat | ccc | atg | aag | ctc | tcc | cat | gtg | 816  |  |  |
| Leu | Leu | Val | Tyr | Leu | Ala | Leu | Lys | Asn | Pro | Met | Lys | Leu | Ser | His | Val |      |  |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |  |  |
| gcc | tgc | agg | aac | ata | gga | ttt | ctg | gcc | tac | ttc | tgc | atc | atg | ctc | tcc | 864  |  |  |
| Ala | Cys | Arg | Asn | Ile | Gly | Phe | Leu | Ala | Tyr | Phe | Cys | Ile | Met | Leu | Ser |      |  |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |  |  |
| ttc | gtc | ttt | ctg | gcc | att | tgc | agt | ctt | gac | ttt | ctg | ctc | aaa | ttt | aaa | 912  |  |  |
| Phe | Val | Phe | Leu | Ala | Ile | Cys | Ser | Leu | Asp | Phe | Leu | Leu | Lys | Phe | Lys |      |  |  |
|     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |  |  |
| caa | aag | gct | gtt | agg | agc | tcc | gtc | cgc | cga | ttg | tcc | ctt | gct | ctg | gca | 960  |  |  |
| Gln | Lys | Ala | Val | Arg | Ser | Ser | Val | Arg | Arg | Leu | Ser | Leu | Ala | Leu | Ala |      |  |  |
|     |     | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |      |  |  |
| gtt | ctt | gca | gtg | att | ggc | ctt | cgg | ttt | ttg | gtc | tcc | tta | gcc | cag | gac | 1008 |  |  |

10

20

30

|                                                                 |      |    |
|-----------------------------------------------------------------|------|----|
| Val Leu Ala Val Ile Gly Leu Arg Phe Leu Val Ser Leu Ala Gln Asp |      |    |
| 325 330 335                                                     |      |    |
| tcc aag ctg ccc aag cac ttc aag cca ggc atg gga gaa gat tac tgc | 1056 |    |
| Ser Lys Leu Pro Lys His Phe Lys Pro Gly Met Gly Glu Asp Tyr Cys |      |    |
| 340 345 350                                                     |      |    |
| tgg ttc gat gtt cgc acc tgg ggt att ttg atc tac tac tac gga ccc | 1104 |    |
| Trp Phe Asp Val Arg Thr Trp Gly Ile Leu Ile Tyr Tyr Tyr Gly Pro |      |    |
| 355 360 365                                                     |      |    |
| att gca ctc ctc ctg ata ttc agc att gta tgc tgt ctc aag gcg tac | 1152 |    |
| Ile Ala Leu Leu Leu Ile Phe Ser Ile Val Cys Cys Leu Lys Ala Tyr |      |    |
| 370 375 380                                                     |      |    |
| ttt tcc atc tac gaa ctg cca ccg gat act cag tac ata ttg ggc act | 1200 | 10 |
| Phe Ser Ile Tyr Glu Leu Pro Pro Asp Thr Gln Tyr Ile Leu Gly Thr |      |    |
| 385 390 395 400                                                 |      |    |
| caa ctg aaa atc gtc aag acg cat ttc tat gcc ttt agc gct tac ata | 1248 |    |
| Gln Leu Lys Ile Val Lys Thr His Phe Tyr Ala Phe Ser Ala Tyr Ile |      |    |
| 405 410 415                                                     |      |    |
| gtg ggc gtg ttt gcg gtc tgg atc cga gaa ata gtc gtg tat ata atg | 1296 |    |
| Val Gly Val Phe Ala Val Trp Ile Arg Glu Ile Val Val Tyr Ile Met |      |    |
| 420 425 430                                                     |      |    |
| gcc aga gtg aga gag cat ttc ttc atc att gac ttc tgg agt gga att | 1344 |    |
| Ala Arg Val Arg Glu His Phe Phe Ile Ile Asp Phe Trp Ser Gly Ile |      |    |
| 435 440 445                                                     |      |    |
| tgc att ctg ggc ctg gcc ata gct ggt ttt atc ctg ctc ctt ggc aag | 1392 | 20 |
| Cys Ile Leu Gly Leu Ala Ile Ala Gly Phe Ile Leu Leu Leu Gly Lys |      |    |
| 450 455 460                                                     |      |    |
| aat ttg cac gtc aaa tcc tgg tgg gcc att aat gtg gaa tca agt cag | 1440 |    |
| Asn Leu His Val Lys Ser Trp Trp Ala Ile Asn Val Glu Ser Ser Gln |      |    |
| 465 470 475 480                                                 |      |    |
| aca gat ctg agt att att aat gct cgc gta tac aag ttc gat gag aaa | 1488 |    |
| Thr Asp Leu Ser Ile Ile Asn Ala Arg Val Tyr Lys Phe Asp Glu Lys |      |    |
| 485 490 495                                                     |      |    |
| ggc gat cta aaa tct tca gac tct ccc tac aag ccg aca gtg aca tca | 1536 |    |
| Gly Asp Leu Lys Ser Ser Asp Ser Pro Tyr Lys Pro Thr Val Thr Ser |      |    |
| 500 505 510                                                     |      |    |
| ctt taa                                                         | 1542 |    |
| Leu                                                             |      | 30 |

<210> 44  
 <211> 513  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 44



Met Val Ser Pro Leu Ile Ile Leu Leu Ile Ile Trp Leu Ser Val Gly  
 1 5 10 15

Ala Lys Ser Val Glu Ile Ala Ser Ile Asn His Pro Cys Ala Tyr Ala  
 20 25 30

His Thr Val Asn Ile Thr Asp Gly Leu Arg Met Lys Asp Gly Ser Tyr  
 35 40 45

Ser Tyr Ala Gly Val Val Val Pro Pro His Leu Met Ala Glu Tyr Ser  
 50 55 60

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

Gly Cys Val Cys Leu Leu Lys Pro Cys Ile Ser Phe Cys Cys Pro Glu  
 85 90 95

Asn Leu Val Phe Asp Ala Lys His Trp Asn Cys Thr Met Pro His Gln  
 100 105 110

Val Arg Glu Ser Thr His Val Glu Leu Thr Tyr Ala Asn Arg Thr Val  
 115 120 125

Asp Gln Val Arg Ile Arg Asp Arg Phe Val Val Arg Thr Glu Leu Gly  
 130 135 140

Cys Arg Asn Lys Phe Val Asp Lys Lys His Asp Asn Phe Trp Gln Trp  
 145 150 155 160

Asp Leu Phe Glu Asn Gly Thr Leu Arg Arg Asp Asn Arg Leu Trp Ser  
 165 170 175

Thr Asp Glu Tyr Cys Phe Ser Pro Leu Glu His Asn Pro Glu Gln Trp  
 180 185 190

Glu Leu Thr Pro Leu Asn Cys Glu Arg Phe Gln Thr Gly Tyr Arg Val  
 195 200 205

Trp Ile Tyr Ala Ile Cys Ser Ile Ile Ala Ile Ile Ile Asn Ile Phe  
 210 215 220

Ile Leu Ser Leu Leu Gly Ser Val Arg Asp Ala Arg Lys Ser His Tyr  
 225 230 235 240

10

20

30

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

10

20

30

Thr Asp Leu Ser Ile Ile Asn Ala Arg Val Tyr Lys Phe Asp Glu Lys  
485 490 495

Gly Asp Leu Lys Ser Ser Asp Ser Pro Tyr Lys Pro Thr Val Thr Ser  
500 505 510

Leu

<210> 45  
<211> 1758  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

10

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1758)  
<223>

<400> 45  
atg ccg aag aaa att cat cag cct gga gga tcc cta tac tgc gga gtt 48  
Met Pro Lys Lys Ile His Gln Pro Gly Gly Ser Leu Tyr Cys Gly Val  
1 5 10 15  
aca ttg ctg ggc gtc ctg tgc ttg gtc gtg ttc cgg ttg att ccg ggg 96  
Thr Leu Leu Gly Val Leu Cys Leu Val Val Phe Arg Leu Ile Pro Gly  
20 25 30  
att ccc ttc ggc act tac gtt atg gcc gag aga gac cac tac cac acc 144  
Ile Pro Phe Gly Thr Tyr Val Met Ala Glu Arg Asp His Tyr His Thr  
35 40 45  
ata gac gat cca aat gtg ccc tgt aat ttc tac gat aca gtg aat ctg 192  
Ile Asp Asp Pro Asn Val Pro Cys Asn Phe Tyr Asp Thr Val Asn Leu  
50 55 60  
acg ggc cat agg ctc ttt ccc aac gga agc tat gat tac tac ggc aca 240  
Thr Gly His Arg Leu Phe Pro Asn Gly Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly Thr  
65 70 75 80  
ata gtt ccc gca gaa ctg gtc ggg acg tac gac tac ata cac agc tcg 288  
Ile Val Pro Ala Glu Leu Val Gly Thr Tyr Asp Tyr Ile His Ser Ser  
85 90 95  
cta acg gag cgc ata gag gtt cgg gaa cac gtt agg gga tgc gtc tgc 336  
Leu Thr Glu Arg Ile Glu Val Arg Glu His Val Arg Gly Cys Val Cys  
100 105 110  
aag ttc aag tcc tgc ctg aat atc tgc tgc ccg tgg cgg cag gtc ttt 384  
Lys Phe Lys Ser Cys Leu Asn Ile Cys Cys Pro Trp Arg Gln Val Phe  
115 120 125  
aac tct gaa gtt gac gga tgc ata ata gac cac tcg gac aac cga acg 432  
Asn Ser Glu Val Asp Gly Cys Ile Ile Asp His Ser Asp Asn Arg Thr

20

30

| 130                                                             | 135 | 140 |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| tgg cca gat ccg cct atg ctc aat ata acc ttc cgc aac gag tct acg |     |     | 480  |
| Trp Pro Asp Pro Pro Met Leu Asn Ile Thr Phe Arg Asn Glu Ser Thr |     |     |      |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160  |
| ata ttg gtc aac atg ttt acg cag ttt gct atc caa agc ttc aga ccc |     |     | 528  |
| Ile Leu Val Asn Met Phe Thr Gln Phe Ala Ile Gln Ser Phe Arg Pro |     |     |      |
| 165                                                             | 170 | 175 |      |
| tgc ccc aag atg ttt tct ctg cag cca gag acc aac aat tgg gat gat |     |     | 576  |
| Cys Pro Lys Met Phe Ser Leu Gln Pro Glu Thr Asn Asn Trp Asp Asp |     |     |      |
| 180                                                             | 185 | 190 |      |
| tat cta ctc ttt gag aac gga tcc atg ctc cgt gtg gac gat aaa ctg |     |     | 624  |
| Tyr Leu Leu Phe Glu Asn Gly Ser Met Leu Arg Val Asp Asp Lys Leu |     |     |      |
| 195                                                             | 200 | 205 |      |
| cta atc agg aag aac gag ttc tgc atg gtt ccg aca tac gtc aac gaa |     |     | 672  |
| Leu Ile Arg Lys Asn Glu Phe Cys Met Val Pro Thr Tyr Val Asn Glu |     |     |      |
| 210                                                             | 215 | 220 |      |
| tgc gac atg ttc tac acc ata cat ccg gcc aat tgt gac atg cag gac |     |     | 720  |
| Ser Asp Met Phe Tyr Thr Ile His Pro Ala Asn Cys Asp Met Gln Asp |     |     |      |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240  |
| gat cat agc acg gta aag att atc aat tgc tat gcc atg atg ttc tcc |     |     | 768  |
| Asp His Ser Thr Val Lys Ile Ile Asn Ser Tyr Ala Met Met Phe Ser |     |     |      |
| 245                                                             | 250 | 255 |      |
| att ccc ttc atg atg ctt acc ata gcc gtt tac cta ttg att ccc gag |     |     | 816  |
| Ile Pro Phe Met Met Leu Thr Ile Ala Val Tyr Leu Leu Ile Pro Glu |     |     |      |
| 260                                                             | 265 | 270 |      |
| ctc cgc aac cag cac gga aag agc ttg gtc tgc tat tta ata ggg ctc |     |     | 864  |
| Leu Arg Asn Gln His Gly Lys Ser Leu Val Cys Tyr Leu Ile Gly Leu |     |     |      |
| 275                                                             | 280 | 285 |      |
| tcc gtg ggt tac tcc tgc ctg tgc tac gtg caa ctc tat caa gtt gat |     |     | 912  |
| Ser Val Gly Tyr Ser Ser Leu Cys Tyr Val Gln Leu Tyr Gln Val Asp |     |     |      |
| 290                                                             | 295 | 300 |      |
| gcc act ggt gtt aca tgc aaa gtg ttt gga tac aca gca tat ttc ttt |     |     | 960  |
| Ala Thr Gly Val Thr Cys Lys Val Phe Gly Tyr Thr Ala Tyr Phe Phe |     |     |      |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320  |
| ttt atg ggt gcc tac atg tgg cta agt gtc att agc ttt gac ttg tgg |     |     | 1008 |
| Phe Met Gly Ala Tyr Met Trp Leu Ser Val Ile Ser Phe Asp Leu Trp |     |     |      |
| 325                                                             | 330 | 335 |      |
| cac aat ttc cga ggg acg aga gga att aac cga ttc cag gag aag aaa |     |     | 1056 |
| His Asn Phe Arg Gly Thr Arg Gly Ile Asn Arg Phe Gln Glu Lys Lys |     |     |      |
| 340                                                             | 345 | 350 |      |
| cgc ttc ctg ttt tat tog ctg tac tct tgg ggt att gcc cta gtt ttc |     |     | 1104 |
| Arg Phe Leu Phe Tyr Ser Leu Tyr Ser Trp Gly Ile Ala Leu Val Phe |     |     |      |
| 355                                                             | 360 | 365 |      |
| cta gcc ttc acc tat tgc gcc cag caa ctt acc aat ttg ccc gcg aac |     |     | 1152 |

10

20

30

```

Leu Ala Phe Thr Tyr Cys Ala Gln Gln Leu Thr Asn Leu Pro Ala Asn
370                               375                               380

cta aag cca ggt att ggt gat ggt gta tac tgc tgg ctg gat atg agc    1200
Leu Lys Pro Gly Ile Gly Asp Gly Val Tyr Cys Trp Leu Asp Met Ser
385                               390                               395                               400

aac tgg gca gcc atg atc tat ttc tac ggt ccc att ctg gcg atc gtt    1248
Asn Trp Ala Ala Met Ile Tyr Phe Tyr Gly Pro Ile Leu Ala Ile Val
                               405                               410                               415

gtt gcc aac acc atc atg ttc ata atg acg gcg att aag att cac ggc    1296
Val Ala Asn Thr Ile Met Phe Ile Met Thr Ala Ile Lys Ile His Gly
                               420                               425                               430

gtg cag cgc gag atg gcc cgg ata att gcg agt gag aat agc acc aag    1344
Val Gln Arg Glu Met Ala Arg Ile Ile Ala Ser Glu Asn Ser Thr Lys
                               435                               440                               445

aac cta cga acc gag aag gac aaa cgt ttt tat cgt gct tgg tcc aac    1392
Asn Leu Arg Thr Glu Lys Asp Lys Arg Phe Tyr Arg Ala Trp Ser Asn
                               450                               455                               460

tat aga ttc ggc ttg ttc tta cgc ctc ttt ctc ata atg ggc atc acc    1440
Tyr Arg Phe Gly Leu Phe Leu Arg Leu Phe Leu Ile Met Gly Ile Thr
465                               470                               475                               480

tgg ctc acg gag ctt atc tcg tac ttc gtg ggc agc gac aag gga tgg    1488
Trp Leu Thr Glu Leu Ile Ser Tyr Phe Val Gly Ser Asp Lys Gly Trp
                               485                               490                               495

tct aag ctc ttt tat atc tcg gat ctg gcc aat gcg atg cag ggc ttt    1536
Ser Lys Leu Phe Tyr Ile Ser Asp Leu Ala Asn Ala Met Gln Gly Phe
                               500                               505                               510

ctc att ttc atg ttg ttt gta atg aag aag aag gtc aag cac ttg atc    1584
Leu Ile Phe Met Leu Phe Val Met Lys Lys Lys Val Lys His Leu Ile
                               515                               520                               525

aca aac aga tgc tcg agt gtt cgc gat ggc agc aac caa cgt cag agc    1632
Thr Asn Arg Cys Ser Ser Val Arg Asp Gly Ser Asn Gln Arg Gln Ser
                               530                               535                               540

cag tac tcc acc aag acc acg tcg agc agc gtg gcc aat ctg tcg ctg    1680
Gln Tyr Ser Thr Lys Thr Thr Ser Ser Ser Val Ala Asn Leu Ser Leu
545                               550                               555                               560

cac gag aag cca tcg gtg gag aag ccg cta gtg atc agc tcg agc gtg    1728
His Glu Lys Pro Ser Val Glu Lys Pro Leu Val Ile Ser Ser Ser Val
                               565                               570                               575

gat ccc cag aaa acc acc atc ttc cgc tga    1758
Asp Pro Gln Lys Thr Thr Ile Phe Arg
                               580                               585

```

<210> 46  
 <211> 585  
 <212> PRT

10

20

30

&lt;213&gt; Drosophila melanogaster

&lt;400&gt; 46

Met Pro Lys Lys Ile His Gln Pro Gly Gly Ser Leu Tyr Cys Gly Val  
 1 5 10 15

Thr Leu Leu Gly Val Leu Cys Leu Val Val Phe Arg Leu Ile Pro Gly  
 20 25 30

Ile Pro Phe Gly Thr Tyr Val Met Ala Glu Arg Asp His Tyr His Thr  
 35 40 45

Ile Asp Asp Pro Asn Val Pro Cys Asn Phe Tyr Asp Thr Val Asn Leu  
 50 55 60

Thr Gly His Arg Leu Phe Pro Asn Gly Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly Thr  
 65 70 75 80

Ile Val Pro Ala Glu Leu Val Gly Thr Tyr Asp Tyr Ile His Ser Ser  
 85 90 95

Leu Thr Glu Arg Ile Glu Val Arg Glu His Val Arg Gly Cys Val Cys  
 100 105 110

Lys Phe Lys Ser Cys Leu Asn Ile Cys Cys Pro Trp Arg Gln Val Phe  
 115 120 125

Asn Ser Glu Val Asp Gly Cys Ile Ile Asp His Ser Asp Asn Arg Thr  
 130 135 140

Trp Pro Asp Pro Pro Met Leu Asn Ile Thr Phe Arg Asn Glu Ser Thr  
 145 150 155 160

Ile Leu Val Asn Met Phe Thr Gln Phe Ala Ile Gln Ser Phe Arg Pro  
 165 170 175

Cys Pro Lys Met Phe Ser Leu Gln Pro Glu Thr Asn Asn Trp Asp Asp  
 180 185 190

Tyr Leu Leu Phe Glu Asn Gly Ser Met Leu Arg Val Asp Asp Lys Leu  
 195 200 205

Leu Ile Arg Lys Asn Glu Phe Cys Met Val Pro Thr Tyr Val Asn Glu  
 210 215 220

10

20

30

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

10

20

30

Tyr Arg Phe Gly Leu Phe Leu Arg Leu Phe Leu Ile Met Gly Ile Thr  
465 470 475 480

Trp Leu Thr Glu Leu Ile Ser Tyr Phe Val Gly Ser Asp Lys Gly Trp  
485 490 495

Ser Lys Leu Phe Tyr Ile Ser Asp Leu Ala Asn Ala Met Gln Gly Phe  
500 505 510

Leu Ile Phe Met Leu Phe Val Met Lys Lys Lys Val Lys His Leu Ile  
515 520 525

Thr Asn Arg Cys Ser Ser Val Arg Asp Gly Ser Asn Gln Arg Gln Ser  
530 535 540

Gln Tyr Ser Thr Lys Thr Thr Ser Ser Ser Val Ala Asn Leu Ser Leu  
545 550 555 560

His Glu Lys Pro Ser Val Glu Lys Pro Leu Val Ile Ser Ser Ser Val  
565 570 575

Asp Pro Gln Lys Thr Thr Ile Phe Arg  
580 585

<210> 47  
<211> 1440  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1440)  
<223>

<400> 47  
atg gcc agt ggc aac aat gaa act gag ccg ctc tac tgc ggc agc ggc 48  
Met Ala Ser Gly Asn Asn Glu Thr Glu Pro Leu Tyr Cys Gly Ser Gly  
1 5 10 15  
atg gat aat ttt cat aca agc tac aag aac atg cat ggc tat gtt tcg 96  
Met Asp Asn Phe His Thr Ser Tyr Lys Asn Met His Gly Tyr Val Ser  
20 25 30  
ctg gtg gtc tgc atc ctg ggc acc atc gcg aat acc ttg aat atc att 144  
Leu Val Val Cys Ile Leu Gly Thr Ile Ala Asn Thr Leu Asn Ile Ile  
35 40 45  
gtg cta acc cga cgg gag atg cgc tcc ccc acg aat gcc ata ctc acg 192  
Val Leu Thr Arg Arg Glu Met Arg Ser Pro Thr Asn Ala Ile Leu Thr

10

20

30



| 50                                                                                                                                                    | 55  | 60 |    |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|----|----|
| ggt ctg gcc gtg gcc gac ctg gca gtt atg ctg gag tat ata ccc tat<br>Gly Leu Ala Val Ala Asp Leu Ala Val Met Leu Glu Tyr Ile Pro Tyr<br>65 70 75 80     | 240 |    |    |
| acc ata cac gac tac atc ctg acg gac agt ttg ccg cgg gag gag aag<br>Thr Ile His Asp Tyr Ile Leu Thr Asp Ser Leu Pro Arg Glu Glu Lys<br>85 90 95        | 288 |    |    |
| ctc agc tac agc tgg gcc tgc ttc atc aag ttc cat tcg att ttc gcc<br>Leu Ser Tyr Ser Trp Ala Cys Phe Ile Lys Phe His Ser Ile Phe Ala<br>100 105 110     | 336 |    |    |
| cag gtt ctg cac acc att tcc att tgg ctg acg gtg acc ctg gct gtt<br>Gln Val Leu His Thr Ile Ser Ile Trp Leu Thr Val Thr Leu Ala Val<br>115 120 125     | 384 |    | 10 |
| tgg cgt tat ata gcg gtg ggt tat ccg caa aag aat cgc gtg tgg tgc<br>Trp Arg Tyr Ile Ala Val Gly Tyr Pro Gln Lys Asn Arg Val Trp Cys<br>130 135 140     | 432 |    |    |
| ggt atg aga acc acc ata ata acg ata acc acc gcc tat gtg gtg tgt<br>Gly Met Arg Thr Thr Ile Ile Thr Ile Thr Thr Ala Tyr Val Val Cys<br>145 150 155 160 | 480 |    |    |
| ggt ctg gtg gtg tcg ccg tcg ctc tat ttg atc acg gct ata acc gaa<br>Val Leu Val Val Ser Pro Ser Leu Tyr Leu Ile Thr Ala Ile Thr Glu<br>165 170 175     | 528 |    |    |
| tat gtg gat cag ttg gat atg aat ggc aaa gtg ata aac tcc att ccc<br>Tyr Val Asp Gln Leu Asp Met Asn Gly Lys Val Ile Asn Ser Ile Pro<br>180 185 190     | 576 |    | 20 |
| atg acc cag tac gtt atc gat tat cgt aat gag tta ctg agt gcc agg<br>Met Thr Gln Tyr Val Ile Asp Tyr Arg Asn Glu Leu Leu Ser Ala Arg<br>195 200 205     | 624 |    |    |
| acg gcc gcc ctg aat gcc acg ccc acc agt gca cca ctg aac gaa act<br>Thr Ala Ala Leu Asn Ala Thr Pro Thr Ser Ala Pro Leu Asn Glu Thr<br>210 215 220     | 672 |    |    |
| gtg tgg tta aat gcg agc acc ttg ctg aca tcg aca acc acc gct gca<br>Val Trp Leu Asn Ala Ser Thr Leu Leu Thr Ser Thr Thr Thr Ala Ala<br>225 230 235 240 | 720 |    |    |
| cca ccc aca cca tcg cca gtg gtg cga aat gtt act gtc tat agg cta<br>Pro Pro Thr Pro Ser Pro Val Val Arg Asn Val Thr Val Tyr Arg Leu<br>245 250 255     | 768 |    | 30 |
| tac cac agc gat ttg gcg ttg cac aat gcc tcg ctg caa aat gcc aca<br>Tyr His Ser Asp Leu Ala Leu His Asn Ala Ser Leu Gln Asn Ala Thr<br>260 265 270     | 816 |    |    |
| ttt ctc ata tac agt gta gtg att aag ctg ata cca tgc ata gca ctc<br>Phe Leu Ile Tyr Ser Val Val Ile Lys Leu Ile Pro Cys Ile Ala Leu<br>275 280 285     | 864 |    |    |
| acc att ctg tcg gtt cga ttg atc ctg gcc tta ctg gag gcc aag cgg                                                                                       | 912 |    |    |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Thr | Ile | Leu | Ser | Val | Arg | Leu | Ile | Leu | Ala | Leu | Leu | Glu | Ala | Lys | Arg |      |  |
| 290 |     |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |  |
| cgg | cgg | aag | aag | ctc | acc | agc | aag | ccc | gcc | act | ccg | ggt | gcc | agt | aat | 960  |  |
| Arg | Arg | Lys | Lys | Leu | Thr | Ser | Lys | Pro | Ala | Thr | Pro | Gly | Ala | Ser | Asn |      |  |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |      |  |
| gga | acc | aaa | tca | ccg | gcc | aat | ggt | aaa | gca | gcg | gat | agg | ccc | cgg | aaa | 1008 |  |
| Gly | Thr | Lys | Ser | Pro | Ala | Asn | Gly | Lys | Ala | Ala | Asp | Arg | Pro | Arg | Lys |      |  |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |  |
| aat | agc | aaa | act | ctg | gaa | aag | gaa | aag | cag | acg | gat | cgc | acc | acg | aga | 1056 |  |
| Asn | Ser | Lys | Thr | Leu | Glu | Lys | Glu | Lys | Gln | Thr | Asp | Arg | Thr | Thr | Arg |      |  |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |  |
| atg | ctg | ctg | gcg | gtg | cta | ctc | ctc | ttt | ctc | atc | act | gaa | ttt | cca | caa | 1104 |  |
| Met | Leu | Leu | Ala | Val | Leu | Leu | Leu | Phe | Leu | Ile | Thr | Glu | Phe | Pro | Gln |      |  |
|     |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |  |
| ggg | att | atg | ggt | ctg | ctg | aat | gct | gtg | ctc | gga | gat | gtc | ttc | tat | ctg | 1152 |  |
| Gly | Ile | Met | Gly | Leu | Leu | Asn | Ala | Val | Leu | Gly | Asp | Val | Phe | Tyr | Leu |      |  |
|     |     |     | 370 |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |  |
| cag | tgc | tac | cta | aga | ctg | agt | gac | ctg | atg | gat | atc | ttg | gcc | ctg | atc | 1200 |  |
| Gln | Cys | Tyr | Leu | Arg | Leu | Ser | Asp | Leu | Met | Asp | Ile | Leu | Ala | Leu | Ile |      |  |
|     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |      |  |
| aac | tcc | agc | atc | aac | ttc | att | ttg | tac | tgc | tcc | atg | agc | aag | caa | ttc | 1248 |  |
| Asn | Ser | Ser | Ile | Asn | Phe | Ile | Leu | Tyr | Cys | Ser | Met | Ser | Lys | Gln | Phe |      |  |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |      |  |
| cgc | acc | acg | ttc | acg | ctg | ctc | ttt | cgt | cca | aaa | ttc | ctg | gac | aag | tgg | 1296 |  |
| Arg | Thr | Thr | Phe | Thr | Leu | Leu | Phe | Arg | Pro | Lys | Phe | Leu | Asp | Lys | Trp |      |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     | 430 |     |     |      |  |
| ctg | ccg | gtg | gcg | cag | gac | gag | atg | gca | gct | gct | cga | gct | gaa | cgc | tct | 1344 |  |
| Leu | Pro | Val | Ala | Gln | Asp | Glu | Met | Ala | Ala | Ala | Arg | Ala | Glu | Arg | Ser |      |  |
|     |     |     | 435 |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |     |      |  |
| gcg | gtg | gcg | cca | gtc | ctg | gaa | aac | agc | aga | cga | cag | cag | ccg | cag | gtg | 1392 |  |
| Ala | Val | Ala | Pro | Val | Leu | Glu | Asn | Ser | Arg | Arg | Gln | Gln | Pro | Gln | Val |      |  |
|     |     |     | 450 |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |  |
| gtg | atg | gcc | agc | acg | acc | acc | aac | atc | acg | cag | gtg | aca | aat | ctg | tag | 1440 |  |
| Val | Met | Ala | Ser | Thr | Thr | Thr | Asn | Ile | Thr | Gln | Val | Thr | Asn | Leu |     |      |  |
|     |     |     |     |     | 470 |     |     |     | 475 |     |     |     |     |     |     |      |  |

<210> 48  
 <211> 479  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 48

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|
| Met | Ala | Ser | Gly | Asn | Asn | Glu | Thr | Glu | Pro | Leu | Tyr | Cys | Gly | Ser | Gly |  |  |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |  |  |

10

20

30

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

10

20

30

Tyr His Ser Asp Leu Ala Leu His Asn Ala Ser Leu Gln Asn Ala Thr  
 260 265 270  
 Phe Leu Ile Tyr Ser Val Val Ile Lys Leu Ile Pro Cys Ile Ala Leu  
 275 280 285  
 Thr Ile Leu Ser Val Arg Leu Ile Leu Ala Leu Leu Glu Ala Lys Arg  
 290 295 300  
 Arg Arg Lys Lys Leu Thr Ser Lys Pro Ala Thr Pro Gly Ala Ser Asn  
 305 310 315 320  
 Gly Thr Lys Ser Pro Ala Asn Gly Lys Ala Ala Asp Arg Pro Arg Lys  
 325 330 335  
 Asn Ser Lys Thr Leu Glu Lys Glu Lys Gln Thr Asp Arg Thr Thr Arg  
 340 345 350  
 Met Leu Leu Ala Val Leu Leu Leu Phe Leu Ile Thr Glu Phe Pro Gln  
 355 360 365  
 Gly Ile Met Gly Leu Leu Asn Ala Val Leu Gly Asp Val Phe Tyr Leu  
 370 375 380  
 Gln Cys Tyr Leu Arg Leu Ser Asp Leu Met Asp Ile Leu Ala Leu Ile  
 385 390 395 400  
 Asn Ser Ser Ile Asn Phe Ile Leu Tyr Cys Ser Met Ser Lys Gln Phe  
 405 410 415  
 Arg Thr Thr Phe Thr Leu Leu Phe Arg Pro Lys Phe Leu Asp Lys Trp  
 420 425 430  
 Leu Pro Val Ala Gln Asp Glu Met Ala Ala Ala Arg Ala Glu Arg Ser  
 435 440 445  
 Ala Val Ala Pro Val Leu Glu Asn Ser Arg Arg Gln Gln Pro Gln Val  
 450 455 460  
 Val Met Ala Ser Thr Thr Thr Asn Ile Thr Gln Val Thr Asn Leu  
 465 470 475

<210> 49  
 <211> 1650

10

20

30

<212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1650)  
 <223>

```

<400> 49
atg agt ggt aca gcg gtt gcg cgg ctc ctg ctc cgc ctg gag cta ccc 48
Met Ser Gly Thr Ala Val Ala Arg Leu Leu Leu Arg Leu Glu Leu Pro
1 5 10 15

tcg cca ggc gta atg cca cca ccg ccc acg gac tac gat tac ggt gga 96
Ser Pro Gly Val Met Pro Pro Pro Pro Thr Asp Tyr Asp Tyr Gly Gly
20 25 30

ccc atc agc gac gat gag ttc ctg gcc agt gcg atg gcc acc gag ggc 144
Pro Ile Ser Asp Asp Glu Phe Leu Ala Ser Ala Met Ala Thr Glu Gly
35 40 45

cca acg gta cgc tac gat ttg ttt ccg cag aac aac agt cag ccc act 192
Pro Thr Val Arg Tyr Asp Leu Phe Pro Gln Asn Asn Ser Gln Pro Thr
50 55 60

ctg caa atc gtc ctt aac cac acg gag gtg caa acg gat ctg caa tat 240
Leu Gln Ile Val Leu Asn His Thr Glu Val Gln Thr Asp Leu Gln Tyr
65 70 75 80

ccc cac tac gag gac ctg ggc ctg gat ccc gat ccg aat tgg aca cga 288
Pro His Tyr Glu Asp Leu Gly Leu Asp Pro Asp Pro Asn Trp Thr Arg
85 90 95

atc tgc gag gat gtg tac aac cca ctg ctg gag aac aat cgc att gag 336
Ile Cys Glu Asp Val Tyr Asn Pro Leu Leu Glu Asn Asn Arg Ile Glu
100 105 110

ttc tgg gtg tgc gga gta ctg ata aat atc gtt ggt gtc ctc ggc atc 384
Phe Trp Val Cys Gly Val Leu Ile Asn Ile Val Gly Val Leu Gly Ile
115 120 125

cta ggc aac ata atc tcc atg ata atc ctc tcc cga cca cag atg aga 432
Leu Gly Asn Ile Ile Ser Met Ile Ile Leu Ser Arg Pro Gln Met Arg
130 135 140

tcc agt atc aac tac ttg ctc act gga ttg gcc cgc tgt gat acg gtg 480
Ser Ser Ile Asn Tyr Leu Leu Thr Gly Leu Ala Arg Cys Asp Thr Val
145 150 155 160

ctg att atc acc tct atc ctg ctg ttt gga ata ccc agc ata tat cca 528
Leu Ile Ile Thr Ser Ile Leu Leu Phe Gly Ile Pro Ser Ile Tyr Pro
165 170 175

tat acg ggt cac ttt ttc ggc tac tac aac tat gtt tat ccg ttt ata 576
Tyr Thr Gly His Phe Phe Gly Tyr Tyr Asn Tyr Val Tyr Pro Phe Ile
180 185 190

tcg ccg gcg gta ttc cct ata ggc atg ata gcc cag aca gct agt ata 624
Ser Pro Ala Val Phe Pro Ile Gly Met Ile Ala Gln Thr Ala Ser Ile

```

10

20

30

| 195                                                                                                                                                   | 200 | 205 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| tat atg aca ttt acg gtg acc tta gag aga tat gta gcc gtt tgc cat<br>Tyr Met Thr Phe Thr Val Thr Leu Glu Arg Tyr Val Ala Val Cys His<br>210 215 220     |     |     | 672  |
| cct ctg aag gcg aga gca ctc tgc act tac gga aga gct aaa ata tat<br>Pro Leu Lys Ala Arg Ala Leu Cys Thr Tyr Gly Arg Ala Lys Ile Tyr<br>225 230 235 240 |     |     | 720  |
| ttc ata gtt tgt gta tgc ttc tcg ttg gcc tac aat atg ccc aga ttt<br>Phe Ile Val Cys Val Cys Phe Ser Leu Ala Tyr Asn Met Pro Arg Phe<br>245 250 255     |     |     | 768  |
| tgg gag gtc ctg act gtc acc tat ccc gaa ccg ggc aag gat gta ata<br>Trp Glu Val Leu Thr Val Thr Tyr Pro Glu Pro Gly Lys Asp Val Ile<br>260 265 270     |     |     | 816  |
| ctc cac tgc gtg aga cct tcg aga ctg aga aga tcg gag acc tac atc<br>Leu His Cys Val Arg Pro Ser Arg Leu Arg Arg Ser Glu Thr Tyr Ile<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| aac ata tac ata cac tgg tgc tac ctg ata gtg aac tat atc ata ccc<br>Asn Ile Tyr Ile His Trp Cys Tyr Leu Ile Val Asn Tyr Ile Ile Pro<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| ttt ctc acc cta gcc ata cta aat tgt ctg ata tac agg cag gtg aag<br>Phe Leu Thr Leu Ala Ile Leu Asn Cys Leu Ile Tyr Arg Gln Val Lys<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| agg gct aat agg gag cgc cag agg tta tcg aga tca gag aaa agg gag<br>Arg Ala Asn Arg Glu Arg Gln Arg Leu Ser Arg Ser Glu Lys Arg Glu<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| atc gga ttg gcc aca atg ctg ctg tgc gtg gtg ata gtg ttc ttt atg<br>Ile Gly Leu Ala Thr Met Leu Leu Cys Val Val Ile Val Phe Phe Met<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| ctc aac ttt cta ccg ctg gtg ctc aat ata tcc gag gcc ttc tat agc<br>Leu Asn Phe Leu Pro Leu Val Leu Asn Ile Ser Glu Ala Phe Tyr Ser<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| acc atc gat cat aaa att acg aag atc tcc aat cta ctg atc acc atc<br>Thr Ile Asp His Lys Ile Thr Lys Ile Ser Asn Leu Leu Ile Thr Ile<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| aat agc agt gtc aac ttt ctc att tac atc atc ttc ggc gaa aag ttc<br>Asn Ser Ser Val Asn Phe Leu Ile Tyr Ile Ile Phe Gly Glu Lys Phe<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| aag cgc att ttt tta ctc att ttt ttc aag cgc cgc ctg agt cgt gac<br>Lys Arg Ile Phe Leu Leu Ile Phe Phe Lys Arg Arg Leu Ser Arg Asp<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| caa ccg gat ctt atc cac tac gag agc tcc ata tcg aac aac ggc gat<br>Gln Pro Asp Leu Ile His Tyr Glu Ser Ser Ile Ser Asn Asn Gly Asp<br>420 425 430     |     |     | 1296 |
| gga act ctg aac cac cga tcc tcc ggc cgc ttc tcg agg cac ggc acc                                                                                       |     |     | 1344 |

10

20

30

Gly Thr Leu Asn His Arg Ser Ser Gly Arg Phe Ser Arg His Gly Thr  
 435 440 445

cag cgg agc acc acc acc acc tac ctg gtg gcc acc gga gga cca ggc 1392  
 Gln Arg Ser Thr Thr Thr Thr Tyr Leu Val Ala Thr Gly Gly Pro Gly  
 450 455 460

ggc ggg gga tgc ggt ggt ggc ggt ggc aat aat tcc ctc aat aat gtc 1440  
 Gly Gly Gly Cys Gly Gly Gly Gly Asn Asn Ser Leu Asn Asn Val  
 465 470 475 480

cga ctg acc cag gtc tgc gga tca ccc ggt ctg gtc aag atc aag cga 1488  
 Arg Leu Thr Gln Val Ser Gly Ser Pro Gly Leu Val Lys Ile Lys Arg  
 485 490 495

aat cga gct ccc tgc cct ggt cca gtg gtt tac ttt ccc gcc cgc gaa 1536  
 Asn Arg Ala Pro Ser Pro Gly Pro Val Val Tyr Phe Pro Ala Arg Glu  
 500 505 510

atg cag aga tcc gca tcc aca aca aat tca aca acc aat aac aac act 1584  
 Met Gln Arg Ser Ala Ser Thr Thr Asn Ser Thr Thr Asn Asn Asn Thr  
 515 520 525

tct att ggt tac gac tgg acc ctg ccg gac agc aaa aaa ctg gga cac 1632  
 Ser Ile Gly Tyr Asp Trp Thr Leu Pro Asp Ser Lys Lys Leu Gly His  
 530 535 540

gtc tcc tct gga ttc tga 1650  
 Val Ser Ser Gly Phe  
 545

10

<210> 50  
 <211> 549  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster  
 <400> 50

20

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

Ser Pro Gly Val Met Pro Pro Pro Pro Thr Asp Tyr Asp Tyr Gly Gly  
 20 25 30

Pro Ile Ser Asp Asp Glu Phe Leu Ala Ser Ala Met Ala Thr Glu Gly  
 35 40 45

Pro Thr Val Arg Tyr Asp Leu Phe Pro Gln Asn Asn Ser Gln Pro Thr  
 50 55 60

Leu Gln Ile Val Leu Asn His Thr Glu Val Gln Thr Asp Leu Gln Tyr  
 65 70 75 80

30

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

10

20

30



Arg Ala Asn Arg Glu Arg Gln Arg Leu Ser Arg Ser Glu Lys Arg Glu  
 325 330 335  
 Ile Gly Leu Ala Thr Met Leu Leu Cys Val Val Ile Val Phe Phe Met  
 340 345 350  
 Leu Asn Phe Leu Pro Leu Val Leu Asn Ile Ser Glu Ala Phe Tyr Ser  
 355 360 365  
 Thr Ile Asp His Lys Ile Thr Lys Ile Ser Asn Leu Leu Ile Thr Ile  
 370 375 380  
 Asn Ser Ser Val Asn Phe Leu Ile Tyr Ile Ile Phe Gly Glu Lys Phe  
 385 390 395 400  
 Lys Arg Ile Phe Leu Leu Ile Phe Phe Lys Arg Arg Leu Ser Arg Asp  
 405 410 415  
 Gln Pro Asp Leu Ile His Tyr Glu Ser Ser Ile Ser Asn Asn Gly Asp  
 420 425 430  
 Gly Thr Leu Asn His Arg Ser Ser Gly Arg Phe Ser Arg His Gly Thr  
 435 440 445  
 Gln Arg Ser Thr Thr Thr Thr Tyr Leu Val Ala Thr Gly Gly Pro Gly  
 450 455 460  
 Gly Gly Gly Cys Gly Gly Gly Gly Gly Asn Asn Ser Leu Asn Asn Val  
 465 470 475 480  
 Arg Leu Thr Gln Val Ser Gly Ser Pro Gly Leu Val Lys Ile Lys Arg  
 485 490 495  
 Asn Arg Ala Pro Ser Pro Gly Pro Val Val Tyr Phe Pro Ala Arg Glu  
 500 505 510  
 Met Gln Arg Ser Ala Ser Thr Thr Asn Ser Thr Thr Asn Asn Asn Thr  
 515 520 525  
 Ser Ile Gly Tyr Asp Trp Thr Leu Pro Asp Ser Lys Lys Leu Gly His  
 530 535 540  
 Val Ser Ser Gly Phe  
 545

10

20

30

<210> 51  
 <211> 969  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(969)  
 <223>

<400> 51  
 atg cag gaa atg agc tac cta cag gat aat tcc aag gtg gag gcc ctc 48  
 Met Gln Glu Met Ser Tyr Leu Gln Asp Asn Ser Lys Val Glu Ala Leu  
 1 5 10 15  
 acc aag gcg gtg ctc ata tcg ata ctg ggc gtg gcc atc gtc ctg tcc 96  
 Thr Lys Ala Val Leu Ile Ser Ile Leu Gly Val Ala Ile Val Leu Ser  
 20 25 30  
 aac ctc ctc ata atc gcc acc tat gcc aac ttc aag gga ccc aca gag 144  
 Asn Leu Leu Ile Ile Ala Thr Tyr Ala Asn Phe Lys Gly Pro Thr Glu  
 35 40 45  
 gtg atc aac tac tac ctc ttg tcc ctg gcc atc gcc gat ctg ctc tgc 192  
 Val Ile Asn Tyr Tyr Leu Leu Ser Leu Ala Ile Ala Asp Leu Leu Cys  
 50 55 60  
 gga ctc ctg gtg gtg ccc ttc tcc gtg tat ccc gct ttg acc gga gaa 240  
 Gly Leu Leu Val Val Pro Phe Ser Val Tyr Pro Ala Leu Thr Gly Glu  
 65 70 75 80  
 tgg atg tac ggc gac atc gtg tgt cgc ttc acc ggc tat ctg gag gtc 288  
 Trp Met Tyr Gly Asp Ile Val Cys Arg Phe Thr Gly Tyr Leu Glu Val  
 85 90 95  
 act ctg tgg gcg gta tcg gta tac acc ttc atg tgg ata tca gtg gat 336  
 Thr Leu Trp Ala Val Ser Val Tyr Thr Phe Met Trp Ile Ser Val Asp  
 100 105 110  
 cgc tat ott gcg gtg cgg aag cca ctc aga tat gaa acg gtg cag acg 384  
 Arg Tyr Leu Ala Val Arg Lys Pro Leu Arg Tyr Glu Thr Val Gln Thr  
 115 120 125  
 aaa acg aga tgc caa tgc tgg atg gtg ttc act tgg ata tcg gcg gcc 432  
 Lys Thr Arg Cys Gln Cys Trp Met Val Phe Thr Trp Ile Ser Ala Ala  
 130 135 140  
 ctg ctg tgc tgt ccc cca atc ctg ggc tac tcg atg ccc atc gag aac 480  
 Leu Leu Cys Cys Pro Pro Ile Leu Gly Tyr Ser Met Pro Ile Glu Asn  
 145 150 155 160  
 aac atg acg cac att tgc atg ctg gac tgg ggg aat atg gca gca tat 528  
 Asn Met Thr His Ile Cys Met Leu Asp Trp Gly Asn Met Ala Ala Tyr  
 165 170 175  
 agc gcc acc ttg gcg ata tta gtc tta ggt ccc agc ctc att tca atc 576  
 Ser Ala Thr Leu Ala Ile Leu Val Leu Gly Pro Ser Leu Ile Ser Ile

10

20

30

| 180                                                             | 185 | 190 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| gta cac aac tac ggc tat atc ttt gta atg atg cgt aag att agg tcc |     |     | 624 |
| Val His Asn Tyr Gly Tyr Ile Phe Val Met Met Arg Lys Ile Arg Ser |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| ggc gag ccg ata cac gat aaa gaa tat gca act gct ctg gct gaa aat |     |     | 672 |
| Gly Glu Pro Ile His Asp Lys Glu Tyr Ala Thr Ala Leu Ala Glu Asn |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| tta tcg aac cct agt cat atg atg tca ttc gca ttg gtc ttt gca ttc |     |     | 720 |
| Leu Ser Asn Pro Ser His Met Met Ser Phe Ala Leu Val Phe Ala Phe |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| tgg gtg tcc tgg ctg cca tgg att ctg ttg cgt ctg tac gag gtg gtc |     |     | 768 |
| Trp Val Ser Trp Leu Pro Trp Ile Leu Leu Arg Leu Tyr Glu Val Val |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| acg ggc gat gtt atc caa agt act ctt atc aac ttc gcc gtc gtc tgg |     |     | 816 |
| Thr Gly Asp Val Ile Gln Ser Thr Leu Ile Asn Phe Ala Val Val Trp |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| atc ggc ata ttg aat tcg ttt tgg aaa att ctg atc atg acc agt atg |     |     | 864 |
| Ile Gly Ile Leu Asn Ser Phe Trp Lys Ile Leu Ile Met Thr Ser Met |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| tcg ccg caa ttc cgt atc gct ttg aga gta ttt tgc tta acc att tgt |     |     | 912 |
| Ser Pro Gln Phe Arg Ile Ala Leu Arg Val Phe Cys Leu Thr Ile Cys |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| tgt aag act aag ggc cgt ttg caa gca gag cta atc ggg ttg gac cca |     |     | 960 |
| Cys Lys Thr Lys Gly Arg Leu Gln Ala Glu Leu Ile Gly Leu Asp Pro |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| gat gac tag                                                     |     |     | 969 |
| Asp Asp                                                         |     |     |     |

<210> 52  
 <211> 322  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 52

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Gln | Glu | Met | Ser | Tyr | Leu | Gln | Asp | Asn | Ser | Lys | Val | Glu | Ala | Leu |
| 1   |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Thr | Lys | Ala | Val | Leu | Ile | Ser | Ile | Leu | Gly | Val | Ala | Ile | Val | Leu | Ser |
|     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Asn | Leu | Leu | Ile | Ile | Ala | Thr | Tyr | Ala | Asn | Phe | Lys | Gly | Pro | Thr | Glu |
|     | 35  |     |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Val | Ile | Asn | Tyr | Tyr | Leu | Leu | Ser | Leu | Ala | Ile | Ala | Asp | Leu | Leu | Cys |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

10

20

30

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

10

20

30

Ser Pro Gln Phe Arg Ile Ala Leu Arg Val Phe Cys Leu Thr Ile Cys  
 290 295 300

Cys Lys Thr Lys Gly Arg Leu Gln Ala Glu Leu Ile Gly Leu Asp Pro  
 305 310 315 320

Asp Asp

<210> 53  
 <211> 1629  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

10

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1629)  
 <223>

<400> 53  
 atg ggc atg gac tta atc gag cag gag tcc cgc ctg gaa ttc ctg ccc 48  
 Met Gly Met Asp Leu Ile Glu Gln Glu Ser Arg Leu Glu Phe Leu Pro  
 1 5 10 15  
 gga gcc gag gag gaa gcg gaa ttt gag cgt cta tac gcg gct ccc gct 96  
 Gly Ala Glu Glu Glu Ala Glu Phe Glu Arg Leu Tyr Ala Ala Pro Ala  
 20 25 30  
 gag att gtg gcc ctg ttg tcc att ttc tat ggg gga atc agt atc gtg 144  
 Glu Ile Val Ala Leu Leu Ser Ile Phe Tyr Gly Gly Ile Ser Ile Val  
 35 40 45  
 gcc gtc att ggc aac act ttg gtc atc tgg gtg gtg gcc acg acc agg 192  
 Ala Val Ile Gly Asn Thr Leu Val Ile Trp Val Val Ala Thr Thr Arg  
 50 55 60  
 caa atg cgg acc gtg aca aat atg tat atc gct aat ttg gct ttt gcc 240  
 Gln Met Arg Thr Val Thr Asn Met Tyr Ile Ala Asn Leu Ala Phe Ala  
 65 70 75 80  
 gat gtg att att ggc ctc ttc tgc ata cca ttt cag ttc cag gct gcc 288  
 Asp Val Ile Ile Gly Leu Phe Cys Ile Pro Phe Gln Phe Gln Ala Ala  
 85 90 95  
 ctg ctg cag agt tgg aac ctg ccg tgg ttc atg tgc agc ttc tgc ccc 336  
 Leu Leu Gln Ser Trp Asn Leu Pro Trp Phe Met Cys Ser Phe Cys Pro  
 100 105 110  
 ttc gtc cag gcc ctg agt gta aat gtc tgc gta ttc acg ctg acc gcc 384  
 Phe Val Gln Ala Leu Ser Val Asn Val Ser Val Phe Thr Leu Thr Ala  
 115 120 125  
 att gca atc gat cgg cat agg gcc atc att aat cca ctt agg gca cgt 432  
 Ile Ala Ile Asp Arg His Arg Ala Ile Ile Asn Pro Leu Arg Ala Arg  
 130 135 140

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| ccc acc aag ttc gta tgc aag ttc ata att ggt gga att tgg atg ctg<br>Pro Thr Lys Phe Val Ser Lys Phe Ile Ile Gly Gly Ile Trp Met Leu<br>145 150 155 160 | 480  |
| gcc ctg cta ttt gcg gtg ccc ttt gcc att gcc ttt cgt gtg gag gag<br>Ala Leu Leu Phe Ala Val Pro Phe Ala Ile Ala Phe Arg Val Glu Glu<br>165 170 175     | 528  |
| ttg acc gaa aga ttt cgc gag aac aat gag acc tac aat gtg acg cgg<br>Leu Thr Glu Arg Phe Arg Glu Asn Asn Glu Thr Tyr Asn Val Thr Arg<br>180 185 190     | 576  |
| cca ttc tgc atg aac aag aac cta tcc gat gat caa ttg caa tcc ttt<br>Pro Phe Cys Met Asn Lys Asn Leu Ser Asp Asp Gln Leu Gln Ser Phe<br>195 200 205     | 624  |
| cgc tac acc ctg gtt ttt gtg cag tat ctg gtt cca ttc tgt gtc atc<br>Arg Tyr Thr Leu Val Phe Val Gln Tyr Leu Val Pro Phe Cys Val Ile<br>210 215 220     | 672  |
| agc ttt gtc tac atc cag atg gcg gta cga ttg tgg ggc aca cgt gct<br>Ser Phe Val Tyr Ile Gln Met Ala Val Arg Leu Trp Gly Thr Arg Ala<br>225 230 235 240 | 720  |
| cct ggt aac gca cag gat tca cgg gac ata acg ctg ttg aaa aac aag<br>Pro Gly Asn Ala Gln Asp Ser Arg Asp Ile Thr Leu Leu Lys Asn Lys<br>245 250 255     | 768  |
| aag aag gtc atc aaa atg ctg att atc gtg gtc att atc ttt gga ctc<br>Lys Lys Val Ile Lys Met Leu Ile Ile Val Val Ile Ile Phe Gly Leu<br>260 265 270     | 816  |
| tgc tgg ctg cca ctg cag ctc tat aat att ctg tat gtc acg ata ccg<br>Cys Trp Leu Pro Leu Gln Leu Tyr Asn Ile Leu Tyr Val Thr Ile Pro<br>275 280 285     | 864  |
| gaa atc aac gac tac cac ttc att agc atc gtc tgg ttt tgc tgc gat<br>Glu Ile Asn Asp Tyr His Phe Ile Ser Ile Val Trp Phe Cys Cys Asp<br>290 295 300     | 912  |
| tgg ctg gcc atg agc aat agc tgc tac aat ccc ttt att tat ggc atc<br>Trp Leu Ala Met Ser Asn Ser Cys Tyr Asn Pro Phe Ile Tyr Gly Ile<br>305 310 315 320 | 960  |
| tac aat gaa aaa ttt aag cgg gaa ttc aac aag cga ttt gcg gcc tgt<br>Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Arg Glu Phe Asn Lys Arg Phe Ala Ala Cys<br>325 330 335     | 1008 |
| ttc tgc aag ttc aag acg agc atg gac gcc cac gaa agg acc ttt tgc<br>Phe Cys Lys Phe Lys Thr Ser Met Asp Ala His Glu Arg Thr Phe Ser<br>340 345 350     | 1056 |
| atg cac acc cgc gcc agc tcc ata agg tca acc tac gcc aac tcc tgc<br>Met His Thr Arg Ala Ser Ser Ile Arg Ser Thr Tyr Ala Asn Ser Ser<br>355 360 365     | 1104 |
| atg cga atc cgg agt aat ctc ttt ggt ccg gcg cgt ggt ggt gtc aac<br>Met Arg Ile Arg Ser Asn Leu Phe Gly Pro Ala Arg Gly Gly Val Asn<br>370 375 380     | 1152 |

10

20

30

aat ggg aag ccg ggc ttg cat atg ccg cgg gtg cat gga tcc ggt gct 1200  
 Asn Gly Lys Pro Gly Leu His Met Pro Arg Val His Gly Ser Gly Ala  
 385 390 395 400  
 aac agc ggc att tac aac gga agt agt ggg cag aac aac aat gtc aat 1248  
 Asn Ser Gly Ile Tyr Asn Gly Ser Ser Gly Gln Asn Asn Asn Val Asn  
 405 410 415  
 ggc caa cat cat cag cat caa agc gtg gtt acc ttt gcg gcc act ccg 1296  
 Gly Gln His His Gln His Gln Ser Val Val Thr Phe Ala Ala Thr Pro  
 420 425 430  
 ggt gtt tcg gca cca ggt gtt ggc gtt gca atg ccg ccg tgg cgg cga 1344  
 Gly Val Ser Ala Pro Gly Val Gly Val Ala Met Pro Pro Trp Arg Arg  
 435 440 445  
 aac aac ttc aaa cct ctg cat ccg aac gta atc gaa tgc gag gac gac 1392  
 Asn Asn Phe Lys Pro Leu His Pro Asn Val Ile Glu Cys Glu Asp Asp  
 450 455 460  
 gtg gca ctc atg gag ctg cca tca acc acg ccc ccc agc gag gag ttg 1440  
 Val Ala Leu Met Glu Leu Pro Ser Thr Thr Pro Ser Glu Glu Leu  
 465 470 475 480  
 gca tcc ggg gcc gga gtc cag ttg gcc ctg cta agc agg gag agc tcc 1488  
 Ala Ser Gly Ala Gly Val Gln Leu Ala Leu Ser Arg Glu Ser Ser  
 485 490 495  
 agc tgc att tgc gaa cag gaa ttt ggc agc caa acc gaa tgc gat ggc 1536  
 Ser Cys Ile Cys Glu Gln Phe Gly Ser Gln Thr Glu Cys Asp Gly  
 500 505 510  
 acc tgc ata ctc agc gag gtg tcg cga gtc cac ctg ccc ggc tcg cag 1584  
 Thr Cys Ile Leu Ser Glu Val Ser Arg Val His Leu Pro Gly Ser Gln  
 515 520 525  
 gcg aag gac aag gat gcg ggc aag tcc ttg tgg caa cca ctt tag 1629  
 Ala Lys Asp Lys Asp Ala Gly Lys Ser Leu Trp Gln Pro Leu  
 530 535 540

<210> 54  
 <211> 542  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 54

Met Gly Met Asp Leu Ile Glu Gln Glu Ser Arg Leu Glu Phe Leu Pro  
1 5 10 15

Gly Ala Glu Glu Glu Ala Glu Phe Glu Arg Leu Tyr Ala Ala Pro Ala  
20 25 30

Glu Ile Val Ala Leu Leu Ser Ile Phe Tyr Gly Gly Ile Ser Ile Val  
35 40 45

10

20

30

Ala Val Ile Gly Asn Thr Leu Val Ile Trp Val Val Ala Thr Thr Arg  
50 55 60

Gln Met Arg Thr Val Thr Asn Met Tyr Ile Ala Asn Leu Ala Phe Ala  
65 70 75 80

Asp Val Ile Ile Gly Leu Phe Cys Ile Pro Phe Gln Phe Gln Ala Ala  
85 90 95

Leu Leu Gln Ser Trp Asn Leu Pro Trp Phe Met Cys Ser Phe Cys Pro  
100 105 110

Phe Val Gln Ala Leu Ser Val Asn Val Ser Val Phe Thr Leu Thr Ala  
115 120 125

Ile Ala Ile Asp Arg His Arg Ala Ile Ile Asn Pro Leu Arg Ala Arg  
130 135 140

Pro Thr Lys Phe Val Ser Lys Phe Ile Ile Gly Gly Ile Trp Met Leu  
145 150 155 160

Ala Leu Leu Phe Ala Val Pro Phe Ala Ile Ala Phe Arg Val Glu Glu  
165 170 175

Leu Thr Glu Arg Phe Arg Glu Asn Asn Glu Thr Tyr Asn Val Thr Arg  
180 185 190

Pro Phe Cys Met Asn Lys Asn Leu Ser Asp Asp Gln Leu Gln Ser Phe  
195 200 205

Arg Tyr Thr Leu Val Phe Val Gln Tyr Leu Val Pro Phe Cys Val Ile  
210 215 220

Ser Phe Val Tyr Ile Gln Met Ala Val Arg Leu Trp Gly Thr Arg Ala  
225 230 235 240

Pro Gly Asn Ala Gln Asp Ser Arg Asp Ile Thr Leu Leu Lys Asn Lys  
245 250 255

Lys Lys Val Ile Lys Met Leu Ile Ile Val Val Ile Ile Phe Gly Leu  
260 265 270

Cys Trp Leu Pro Leu Gln Leu Tyr Asn Ile Leu Tyr Val Thr Ile Pro

10

20

30



| 275                                                                                | 280 | 285 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Glu Ile Asn Asp Tyr His Phe Ile Ser Ile Val Trp Phe Cys Cys Asp<br>290 295 300     |     |     |
| Trp Leu Ala Met Ser Asn Ser Cys Tyr Asn Pro Phe Ile Tyr Gly Ile<br>305 310 315 320 |     |     |
| Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Arg Glu Phe Asn Lys Arg Phe Ala Ala Cys<br>325 330 335     |     |     |
| Phe Cys Lys Phe Lys Thr Ser Met Asp Ala His Glu Arg Thr Phe Ser<br>340 345 350     |     |     |
| Met His Thr Arg Ala Ser Ser Ile Arg Ser Thr Tyr Ala Asn Ser Ser<br>355 360 365     |     |     |
| Met Arg Ile Arg Ser Asn Leu Phe Gly Pro Ala Arg Gly Gly Val Asn<br>370 375 380     |     |     |
| Asn Gly Lys Pro Gly Leu His Met Pro Arg Val His Gly Ser Gly Ala<br>385 390 395 400 |     |     |
| Asn Ser Gly Ile Tyr Asn Gly Ser Ser Gly Gln Asn Asn Asn Val Asn<br>405 410 415     |     |     |
| Gly Gln His His Gln His Gln Ser Val Val Thr Phe Ala Ala Thr Pro<br>420 425 430     |     |     |
| Gly Val Ser Ala Pro Gly Val Gly Val Ala Met Pro Pro Trp Arg Arg<br>435 440 445     |     |     |
| Asn Asn Phe Lys Pro Leu His Pro Asn Val Ile Glu Cys Glu Asp Asp<br>450 455 460     |     |     |
| Val Ala Leu Met Glu Leu Pro Ser Thr Thr Pro Pro Ser Glu Glu Leu<br>465 470 475 480 |     |     |
| Ala Ser Gly Ala Gly Val Gln Leu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Ser Ser<br>485 490 495     |     |     |
| Ser Cys Ile Cys Glu Gln Glu Phe Gly Ser Gln Thr Glu Cys Asp Gly<br>500 505 510     |     |     |

10

20

30

Thr Cys Ile Leu Ser Glu Val Ser Arg Val His Leu Pro Gly Ser Gln  
 515 520 525

Ala Lys Asp Lys Asp Ala Gly Lys Ser Leu Trp Gln Pro Leu  
 530 535 540

<210> 55  
 <211> 1539  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1539)  
 <223>

10

<400> 55  
 atg tta ctt tct gca tcg atc cta ata tat ttc ttg ctg aat ctg caa 48  
 Met Leu Leu Ser Ala Ser Ile Leu Ile Tyr Phe Leu Leu Asn Leu Gln  
 1 5 10 15  
 tct tcg agt gct gag att gcc gac tgc agt ttc tat gat acc gtt gat 96  
 Ser Ser Ser Ala Glu Ile Ala Asp Cys Ser Phe Tyr Asp Thr Val Asp  
 20 25 30  
 atc tcg gaa ggc cag agg ctc tcg aat gga tca tac ctc tac gag gga 144  
 Ile Ser Glu Gly Gln Arg Leu Ser Asn Gly Ser Tyr Leu Tyr Glu Gly  
 35 40 45  
 tta ctt att ccc gcc cat ttg acg gcc aag tat gaa ttc aag ctt ctg 192  
 Leu Leu Ile Pro Ala His Leu Thr Ala Lys Tyr Glu Phe Lys Leu Leu  
 50 55 60  
 gcg aat gga gat aag gag cag gtg cca agt cac gtg aga gga tgt gtg 240  
 Ala Asn Gly Asp Lys Glu Gln Val Pro Ser His Val Arg Gly Cys Val  
 65 70 75 80  
 tgc aag cta agg act tgc gtc agg ttt tgc tgc cca cat gac cac ata 288  
 Cys Lys Leu Arg Thr Cys Val Arg Phe Cys Cys Pro His Asp His Ile  
 85 90 95  
 atg gat atg ggc gaa tgc tac gcc aac atg acg acg gag gag aac gaa 336  
 Met Asp Met Gly Glu Cys Tyr Ala Asn Met Thr Thr Glu Glu Asn Glu  
 100 105 110  
 tta ctg gac ccc atg cta aat gtg acc ctg gac gac gga tca gtg gtg 384  
 Leu Leu Asp Pro Met Leu Asn Val Thr Leu Asp Asp Gly Ser Val Val  
 115 120 125  
 caa agg cac tat aag aag gag ctc atg gtg cag tgg gat ctg cca aag 432  
 Gln Arg His Tyr Lys Lys Glu Leu Met Val Gln Trp Asp Leu Pro Lys  
 130 135 140  
 ccc tgc gat gat atg ttt tac cta gac aac cgg gat ata atg gat gag 480  
 Pro Cys Asp Asp Met Phe Tyr Leu Asp Asn Arg Asp Ile Met Asp Glu  
 145 150 155 160

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tac acc ttg ttc gag aat gga aga ttg ctg cgc cac tac gat caa gtg<br>Tyr Thr Leu Phe Glu Asn Gly Arg Leu Leu Arg His Tyr Asp Gln Val<br>165 170 175     | 528  |
| tat ttg gac aag tcg gag tac tgt ctg cag cac cga aca ttc ggc gaa<br>Tyr Leu Asp Lys Ser Glu Tyr Cys Leu Gln His Arg Thr Phe Gly Glu<br>180 185 190     | 576  |
| ggt aac aac aac tcc att cgc att ata ccc cac aac tgc ttg ata ctg<br>Gly Asn Asn Asn Ser Ile Arg Ile Ile Pro His Asn Cys Leu Ile Leu<br>195 200 205     | 624  |
| cca tcc aga acg gga cag acc gtt gtg atg atc aca tcg ttg ata tgc<br>Pro Ser Arg Thr Gly Gln Thr Val Val Met Ile Thr Ser Leu Ile Cys<br>210 215 220     | 672  |
| ttg gtt ctt acc atc gcc gtg tac ctg tgc gtt aag aag cta atg aat<br>Leu Val Leu Thr Ile Ala Val Tyr Leu Cys Val Lys Lys Leu Met Asn<br>225 230 235 240 | 720  |
| ttg gag ggc aag tgt ttc atc tgt tac atg atg tgc cta ttt ttc gga<br>Leu Glu Gly Lys Cys Phe Ile Cys Tyr Met Met Cys Leu Phe Phe Gly<br>245 250 255     | 768  |
| tac ctg ttc cta ctc ctt gat ctg tgg gag tta tcg ctc gat ttc tgt<br>Tyr Leu Phe Leu Leu Asp Leu Trp Glu Leu Ser Leu Asp Phe Cys<br>260 265 270         | 816  |
| aaa gca gca ggt ttc ttg gga tac ttt ttc gtc atg gct gcg ttc ttt<br>Lys Ala Ala Gly Phe Leu Gly Tyr Phe Phe Val Met Ala Ala Phe Phe<br>275 280 285     | 864  |
| tgg cta tct atc atc agt cgg cac tat tgg aaa tgt ctt acc aat ccc<br>Trp Leu Ser Ile Ile Ser Arg His Tyr Trp Lys Cys Leu Thr Asn Pro<br>290 295 300     | 912  |
| tgt gcc tcg atg aac att cgg tca gaa cgt gcg ttt ctg cta tac agc<br>Cys Ala Ser Met Asn Ile Arg Ser Glu Arg Ala Phe Leu Leu Tyr Ser<br>305 310 315 320 | 960  |
| tgc ttc gcc tgg gca atg cct ttg gcc ttg acc gga gtc acc tat ctg<br>Cys Phe Ala Trp Ala Met Pro Leu Ala Leu Thr Gly Val Thr Tyr Leu<br>325 330 335     | 1008 |
| gct gat aac gtt gtg aac aac gag gag tgg cag cct cgc gtg ggc gac<br>Ala Asp Asn Val Val Asn Asn Glu Glu Trp Gln Pro Arg Val Gly Asp<br>340 345 350     | 1056 |
| gaa ggg cat tgc tgg atc tat act aaa agc tgg tct gca atg gtg tac<br>Glu Gly His Cys Trp Ile Tyr Thr Lys Ser Trp Ser Ala Met Val Tyr<br>355 360 365     | 1104 |
| ttc tat gga ccg atg gtg ctc ctg att ctc ttc aac ata act atg ttt<br>Phe Tyr Gly Pro Met Val Leu Leu Ile Leu Phe Asn Ile Thr Met Phe<br>370 375 380     | 1152 |
| gtt ctg acg gct aaa cac ata ata gat tcc aag agg act ctt cga aag<br>Val Leu Thr Ala Lys His Ile Ile Asp Ser Lys Arg Thr Leu Arg Lys<br>385 390 395 400 | 1200 |

10

20

30

att gct cgc aat gaa ggt aga ata cag aag ctg aat tcg gac aaa cag 1248  
 Ile Ala Arg Asn Glu Gly Arg Ile Gln Lys Leu Asn Ser Asp Lys Gln  
 405 410 415  
 aat tac aca caa ttt ctg ctg ctc ttc act gtg atg ggg gtg tcg tgg 1296  
 Asn Tyr Thr Gln Phe Leu Leu Leu Phe Thr Val Met Gly Val Ser Trp  
 420 425 430  
 agc ttt gag ata ttc tcc tac ttg gtg caa cgc gag aaa ctg tgg gtc 1344  
 Ser Phe Glu Ile Phe Ser Tyr Leu Val Gln Arg Glu Lys Leu Trp Val  
 435 440 445  
 aat gtc ttt ctg gca gct gac tac ttc aac tgg tcc caa ggc gtc att 1392  
 Asn Val Phe Leu Ala Ala Asp Tyr Phe Asn Trp Ser Gln Gly Val Ile  
 450 455 460  
 ata ttt gtg cta ttc att ctg cgg cgc aaa act ctt gta cta ttc aag 1440  
 Ile Phe Val Leu Phe Ile Leu Arg Arg Lys Thr Leu Val Leu Phe Lys  
 465 470 475 480  
 aaa caa ata ttt ccc aaa cag aga gcc ttt agt aga tct gca act caa 1488  
 Lys Gln Ile Phe Pro Lys Gln Arg Ala Phe Ser Arg Ser Ala Thr Gln  
 485 490 495  
 agt acg att gaa tcc atc tct caa aca aaa agg cat ttt aac atg aca 1536  
 Ser Thr Ile Glu Ser Ile Ser Gln Thr Lys Arg His Phe Asn Met Thr  
 500 505 510  
 tag 1539

<210> 56  
 <211> 512  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <400> 56

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

10

20

30

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

10

20

30

Cys Phe Ala Trp Ala Met Pro Leu Ala Leu Thr Gly Val Thr Tyr Leu  
325 330 335

Ala Asp Asn Val Val Asn Asn Glu Glu Trp Gln Pro Arg Val Gly Asp  
340 345 350

Glu Gly His Cys Trp Ile Tyr Thr Lys Ser Trp Ser Ala Met Val Tyr  
355 360 365

Phe Tyr Gly Pro Met Val Leu Leu Ile Leu Phe Asn Ile Thr Met Phe  
370 375 380

Val Leu Thr Ala Lys His Ile Ile Asp Ser Lys Arg Thr Leu Arg Lys  
385 390 395 400

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

Asn Tyr Thr Gln Phe Leu Leu Leu Phe Thr Val Met Gly Val Ser Trp  
420 425 430

Ser Phe Glu Ile Phe Ser Tyr Leu Val Gln Arg Glu Lys Leu Trp Val  
435 440 445

Asn Val Phe Leu Ala Ala Asp Tyr Phe Asn Trp Ser Gln Gly Val Ile  
450 455 460

Ile Phe Val Leu Phe Ile Leu Arg Arg Lys Thr Leu Val Leu Phe Lys  
465 470 475 480

Lys Gln Ile Phe Pro Lys Gln Arg Ala Phe Ser Arg Ser Ala Thr Gln  
485 490 495

Ser Thr Ile Glu Ser Ile Ser Gln Thr Lys Arg His Phe Asn Met Thr  
500 505 510

<210> 57  
<211> 1740  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1740)  
<223>

10

20

30

<400> 57  
 atg gag gac gag tgg ggc tcc ttt gat cgc ctg ccc agt gtt ccg agt 48  
 Met Glu Asp Glu Trp Gly Ser Phe Asp Arg Leu Pro Ser Val Pro Ser  
 1 5 10 15

gcc tca atg gat ttg gag acg gaa aac gag gtg gtc agc aat tgg tcc 96  
 Ala Ser Met Asp Leu Glu Thr Glu Asn Glu Val Val Ser Asn Trp Ser  
 20 25 30

aca ctg gcc aac ttc acg cga ctt gtg gct ggt gcc gct cct gaa atc 144  
 Thr Leu Ala Asn Phe Thr Arg Leu Val Ala Gly Ala Ala Pro Glu Ile  
 35 40 45

gtc aac tat acg ctc aac atg atc gac gtg ggt gtg ggc atg gcc acg 192  
 Val Asn Tyr Thr Leu Asn Met Ile Asp Val Gly Val Gly Met Ala Thr  
 50 55 60

gat ata tcc aat ctg agc gtg agc acc acg ccc ctg ccc gcc tac gca 240  
 Asp Ile Ser Asn Leu Ser Val Ser Thr Thr Pro Leu Pro Ala Tyr Ala  
 65 70 75 80

atc tct aat agc tcc tcg ctg gcg cac acc aat agt cgc cat gaa gca 288  
 Ile Ser Asn Ser Ser Ser Leu Ala His Thr Asn Ser Arg His Glu Ala  
 85 90 95

cca ccg atg gcg gaa cag gtt ccg gag cac gtg atg gat cac gca cct 336  
 Pro Pro Met Ala Glu Gln Val Pro Glu His Val Met Asp His Ala Pro  
 100 105 110

caa cta tcc cga tcc ggg tta cta aaa gtg tat gtc ctg gcg gta atg 384  
 Gln Leu Ser Arg Ser Gly Leu Leu Lys Val Tyr Val Leu Ala Val Met  
 115 120 125

gca ctg ttc tct ctg ctg ggc aac ctg ctg acc atc tgg aat atc tac 432  
 Ala Leu Phe Ser Leu Leu Gly Asn Leu Leu Thr Ile Trp Asn Ile Tyr  
 130 135 140

aaa acc cgc atc tca aga aga aac tca cgg cac acg tgg agt gct atc 480  
 Lys Thr Arg Ile Ser Arg Arg Asn Ser Arg His Thr Trp Ser Ala Ile  
 145 150 155 160

tac tca ctg atg ttc cat ctg tcc atc gcc gat gtc ctg gtc acc tgg 528  
 Tyr Ser Leu Met Phe His Leu Ser Ile Ala Asp Val Leu Val Thr Trp  
 165 170 175

ttc tgc atc atc ggg gag gcc gcg tgg tgc tac acc gtc cag tgg ctg 576  
 Phe Cys Ile Ile Gly Glu Ala Ala Trp Cys Tyr Thr Val Gln Trp Leu  
 180 185 190

gcc aat gag ctc acc tgc aag ctg gtg aag ctc ttc cag atg ttt agc 624  
 Ala Asn Glu Leu Thr Cys Lys Leu Val Lys Leu Phe Gln Met Phe Ser  
 195 200 205

ctc tac ctg agc acc tat gtc ctg gtc ctc atc gga gtg gac cgc tgg 672  
 Leu Tyr Leu Ser Thr Tyr Val Leu Val Leu Ile Gly Val Asp Arg Trp  
 210 215 220

ata gcg gtc aag tat ccg atg aag tcg ctc aac atg gcc aag agg tgt 720  
 Ile Ala Val Lys Tyr Pro Met Lys Ser Leu Asn Met Ala Lys Arg Cys

10

20

30

| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| cat agg cta ctt ggc ggt act tac atc ctg tgc ctg gtg ctc agc ttg |     |     |     | 768  |
| His Arg Leu Leu Gly Gly Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Val Leu Ser Leu | 245 | 250 | 255 |      |
| cca cag ttc ttc atc ttc cat gta gcg cgt ggc cca ttc gtg gag gag |     |     |     | 816  |
| Pro Gln Phe Phe Ile Phe His Val Ala Arg Gly Pro Phe Val Glu Glu | 260 | 265 | 270 |      |
| ttc tac cag tgc gtc acc cac gga ttc tac acg gcg gat tgg cag gag |     |     |     | 864  |
| Phe Tyr Gln Cys Val Thr His Gly Phe Tyr Thr Ala Asp Trp Gln Glu | 275 | 280 | 285 |      |
| cag atg tac gcc acc ttc acg ctg gtc ttc acc ttc ctg ctg ccg ctg |     |     |     | 912  |
| Gln Met Tyr Ala Thr Phe Thr Leu Val Phe Thr Phe Leu Leu Pro Leu | 290 | 295 | 300 |      |
| tgc ata ctg ttt ggc acc tac atg tcc acc ttc cgc acc att tcc agc |     |     |     | 960  |
| Cys Ile Leu Phe Gly Thr Tyr Met Ser Thr Phe Arg Thr Ile Ser Ser | 305 | 310 | 315 | 320  |
| agc gaa aag atg ttc cag gga tca aag ttg gcc aac tac tca acg gcc |     |     |     | 1008 |
| Ser Glu Lys Met Phe Gln Gly Ser Lys Leu Ala Asn Tyr Ser Thr Ala | 325 | 330 | 335 |      |
| aaa ttg ccc acg cag acg aat cgc cag agg ctg ata cac aag gcc aag |     |     |     | 1056 |
| Lys Leu Pro Thr Gln Thr Asn Arg Gln Arg Leu Ile His Lys Ala Lys | 340 | 345 | 350 |      |
| atg aag tgc ctt cgc ata tcc gtg gtg atc atc ata gcg ttc ctc atc |     |     |     | 1104 |
| Met Lys Ser Leu Arg Ile Ser Val Val Ile Ile Ile Ala Phe Leu Ile | 355 | 360 | 365 |      |
| tgc tgg acg ccc tac tac gtc atg atg att atg ttc atg ttc ctc aat |     |     |     | 1152 |
| Cys Trp Thr Pro Tyr Tyr Val Met Met Ile Met Phe Met Phe Leu Asn | 370 | 375 | 380 |      |
| ccg gac aaa agg ctg ggc gac gat ctg cag gac gcc atc ttc ttc ttc |     |     |     | 1200 |
| Pro Asp Lys Arg Leu Gly Asp Asp Leu Gln Asp Ala Ile Phe Phe Phe | 385 | 390 | 395 | 400  |
| ggc atg tca aac agc ctg gtc aac cca ctc atc tac ggt gcc ttc cac |     |     |     | 1248 |
| Gly Met Ser Asn Ser Leu Val Asn Pro Leu Ile Tyr Gly Ala Phe His | 405 | 410 | 415 |      |
| ctg tgt cct ggc aaa ggg ggc aag tgc agc ggc ggg ggc ggc aac aac |     |     |     | 1296 |
| Leu Cys Pro Gly Lys Gly Gly Lys Ser Ser Gly Gly Gly Gly Asn Asn | 420 | 425 | 430 |      |
| aac gcc tac agc ttg aac agg ggc gac tgc cag cgc act cca tcc atg |     |     |     | 1344 |
| Asn Ala Tyr Ser Leu Asn Arg Gly Asp Ser Gln Arg Thr Pro Ser Met | 435 | 440 | 445 |      |
| cta acg gcg gtg acg cag gtg gac ggc aca ggt ggc agt tcc cgc cag |     |     |     | 1392 |
| Leu Thr Ala Val Thr Gln Val Asp Gly Thr Gly Gly Ser Ser Arg Gln | 450 | 455 | 460 |      |
| atg cgg gcc ttc cgc cag cag agc tac tac cgc agc tcc tcc aac ggc |     |     |     | 1440 |

10

20

30



Met Arg Ala Phe Arg Gln Gln Ser Tyr Tyr Arg Ser Ser Ser Asn Gly  
 465 470 475 480

aca gcc gga ccg ggt gca gct ccc ttt aag gag cag gtt ggc ctg ctg 1488  
 Thr Ala Gly Pro Gly Ala Ala Pro Phe Lys Glu Gln Val Gly Leu Leu  
 485 490 495

cac gtg ggt ccc ggc aat ggg acg ccc ggt ggc tcc gtc tct agc ggc 1536  
 His Val Gly Pro Gly Asn Gly Thr Pro Gly Gly Ser Val Ser Ser Gly  
 500 505 510

gcc acg ccg cag ttg atc cgt aag gga tcg gct ctg ttg gcc cga caa 1584  
 Ala Thr Pro Gln Leu Ile Arg Lys Gly Ser Ala Leu Leu Ala Arg Gln  
 515 520 525

ccc agc tgt ctg agg gag cag gag cac cag cag cgt ttg ctg ctg cac 1632  
 Pro Ser Cys Leu Arg Glu Gln Glu His Gln Gln Arg Leu Leu Leu His  
 530 535 540

gag aag ccc tcg acc ctg gtg ctc agc tac gac agc cag cgg ggc gga 1680  
 Glu Lys Pro Ser Thr Leu Val Leu Ser Tyr Asp Ser Gln Arg Gly Gly  
 545 550 555 560

gtg ggc gtg ggc gtg gcc agc ggt ctg ctg gac aac aac gag cga gtg 1728  
 Val Gly Val Gly Val Ala Ser Gly Leu Leu Asp Asn Asn Glu Arg Val  
 565 570 575

tcg agc gtg tga 1740  
 Ser Ser Val

10

<210> 58  
 <211> 579  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

20

<400> 58

Met Glu Asp Glu Trp Gly Ser Phe Asp Arg Leu Pro Ser Val Pro Ser  
 1 5 10 15

Ala Ser Met Asp Leu Glu Thr Glu Asn Glu Val Val Ser Asn Trp Ser  
 20 25 30

Thr Leu Ala Asn Phe Thr Arg Leu Val Ala Gly Ala Ala Pro Glu Ile  
 35 40 45

Val Asn Tyr Thr Leu Asn Met Ile Asp Val Gly Val Gly Met Ala Thr  
 50 55 60

Asp Ile Ser Asn Leu Ser Val Ser Thr Thr Pro Leu Pro Ala Tyr Ala  
 65 70 75 80

30

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

10

20

30

Ser Glu Lys Met Phe Gln Gly Ser Lys Leu Ala Asn Tyr Ser Thr Ala  
 325 330 335  
 Lys Leu Pro Thr Gln Thr Asn Arg Gln Arg Leu Ile His Lys Ala Lys  
 340 345 350  
 Met Lys Ser Leu Arg Ile Ser Val Val Ile Ile Ile Ala Phe Leu Ile  
 355 360 365  
 Cys Trp Thr Pro Tyr Tyr Val Met Met Ile Met Phe Met Phe Leu Asn  
 370 375 380  
 Pro Asp Lys Arg Leu Gly Asp Asp Leu Gln Asp Ala Ile Phe Phe Phe  
 385 390 395 400  
 Gly Met Ser Asn Ser Leu Val Asn Pro Leu Ile Tyr Gly Ala Phe His  
 405 410 415  
 Leu Cys Pro Gly Lys Gly Gly Lys Ser Ser Gly Gly Gly Gly Asn Asn  
 420 425 430  
 Asn Ala Tyr Ser Leu Asn Arg Gly Asp Ser Gln Arg Thr Pro Ser Met  
 435 440 445  
 Leu Thr Ala Val Thr Gln Val Asp Gly Thr Gly Gly Ser Ser Arg Gln  
 450 455 460  
 Met Arg Ala Phe Arg Gln Gln Ser Tyr Tyr Arg Ser Ser Ser Asn Gly  
 465 470 475 480  
 Thr Ala Gly Pro Gly Ala Ala Pro Phe Lys Glu Gln Val Gly Leu Leu  
 485 490 495  
 His Val Gly Pro Gly Asn Gly Thr Pro Gly Gly Ser Val Ser Ser Gly  
 500 505 510  
 Ala Thr Pro Gln Leu Ile Arg Lys Gly Ser Ala Leu Leu Ala Arg Gln  
 515 520 525  
 Pro Ser Cys Leu Arg Glu Gln Glu His Gln Gln Arg Leu Leu Leu His  
 530 535 540  
 Glu Lys Pro Ser Thr Leu Val Leu Ser Tyr Asp Ser Gln Arg Gly Gly  
 545 550 555 560

10

20

30

Val Gly Val Gly Val Ala Ser Gly Leu Leu Asp Asn Asn Glu Arg Val  
565 570 575

Ser Ser Val

<210> 59  
<211> 1452  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1452)  
<223>

10

<400> 59  
atg ttt acg tgg ctg atg atg gac gtc ctc cag ttt gtg aaa ggg gaa 48  
Met Phe Thr Trp Leu Met Met Asp Val Leu Gln Phe Val Lys Gly Glu  
1 5 10 15  
atg aca gcc gat tca gag gca aat gcc aca aat tgg tat aac acg aac 96  
Met Thr Ala Asp Ser Glu Ala Asn Ala Thr Asn Trp Tyr Asn Thr Asn  
20 25 30  
gag agc tta tat acc acg gaa ctg aac cat aga tgg att agt ggt agt 144  
Glu Ser Leu Tyr Thr Thr Glu Leu Asn His Arg Trp Ile Ser Gly Ser  
35 40 45  
tcc aca att cag cca gag gag tcc ctt tat ggc act gat ttg ccc acc 192  
Ser Thr Ile Gln Pro Glu Glu Ser Leu Tyr Gly Thr Asp Leu Pro Thr  
50 55 60  
tat caa cat tgc ata gcc acg cgg aat tcc ttt gct gac ttg ttc act 240  
Tyr Gln His Cys Ile Ala Thr Arg Asn Ser Phe Ala Asp Leu Phe Thr  
65 70 75 80  
gtg gtg ctc tac gga ttt gtg tgc att atc gga tta ttt ggc aac acc 288  
Val Val Leu Tyr Gly Phe Val Cys Ile Ile Gly Leu Phe Gly Asn Thr  
85 90 95  
ctg gtg atc tac gtg gtg ttg cgc ttt tcc aaa atg caa acg gtc acg 336  
Leu Val Ile Tyr Val Val Leu Arg Phe Ser Lys Met Gln Thr Val Thr  
100 105 110  
aat ata tat atc ctg aat ctg gcg gtg gca gac gag tgc ttc ctg att 384  
Asn Ile Tyr Ile Leu Asn Leu Ala Val Ala Asp Glu Cys Phe Leu Ile  
115 120 125  
gga ata ccc ttt ctg ctg tac aca atg cga att tgc agc tgg cga ttc 432  
Gly Ile Pro Phe Leu Leu Tyr Thr Met Arg Ile Cys Ser Trp Arg Phe  
130 135 140  
ggg gag ttt atg tgc aaa gcc tac atg gtg agc aca tcc atc acc tcc 480  
Gly Glu Phe Met Cys Lys Ala Tyr Met Val Ser Thr Ser Ile Thr Ser

20

30

| 145                                                                                                                                                   | 150 | 155 | 160 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| ttc acc tcg tcg att ttt ctg ctc atc atg tcc gcg gat cga tat ata<br>Phe Thr Ser Ser Ile Phe Leu Leu Ile Met Ser Ala Asp Arg Tyr Ile<br>165 170 175     |     |     |     | 528  |
| gcg gta tgc cac ccg att tcc tcg cca cga tat cga act ctg cat att<br>Ala Val Cys His Pro Ile Ser Ser Pro Arg Tyr Arg Thr Leu His Ile<br>180 185 190     |     |     |     | 576  |
| gcc aaa gtg gtc tca gcg att gcc tgg tca act tca gcg gtc ctc atg<br>Ala Lys Val Val Ser Ala Ile Ala Trp Ser Thr Ser Ala Val Leu Met<br>195 200 205     |     |     |     | 624  |
| ctg ccc gtg atc ctt tat gcc agc act gtg gag cag gag gat ggc atc<br>Leu Pro Val Ile Leu Tyr Ala Ser Thr Val Glu Gln Glu Asp Gly Ile<br>210 215 220     |     |     |     | 672  |
| aat tac tcg tgc aac ata atg tgg cca gat gcg tac aag aag cat tcg<br>Asn Tyr Ser Cys Asn Ile Met Trp Pro Asp Ala Tyr Lys Lys His Ser<br>225 230 235 240 |     |     |     | 720  |
| ggc acc acc ttc ata ctg tac aca ttt ttc cta gga ttc gcc aca ccg<br>Gly Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Thr Phe Phe Leu Gly Phe Ala Thr Pro<br>245 250 255     |     |     |     | 768  |
| ctg tgc ttt atc ctg agt ttc tac tac ttg gtt ata agg aaa ctg cga<br>Leu Cys Phe Ile Leu Ser Phe Tyr Tyr Leu Val Ile Arg Lys Leu Arg<br>260 265 270     |     |     |     | 816  |
| tcg gtg ggt ccc aaa cca gga acg aag tcc aag gag aag agg cgg gct<br>Ser Val Gly Pro Lys Pro Gly Thr Lys Ser Lys Glu Lys Arg Arg Ala<br>275 280 285     |     |     |     | 864  |
| cac agg aag gtc act cga ctg gta ctg acg gtg ata agt gta tac att<br>His Arg Lys Val Thr Arg Leu Val Leu Thr Val Ile Ser Val Tyr Ile<br>290 295 300     |     |     |     | 912  |
| cta tgt tgg ctc cct cac tgg att tct cag gtg gcc ctg att cac tcg<br>Leu Cys Trp Leu Pro His Trp Ile Ser Gln Val Ala Leu Ile His Ser<br>305 310 315 320 |     |     |     | 960  |
| aat ccc gcg caa agg gac ctc tcc cga ctg gaa ata ctc att ttc ctg<br>Asn Pro Ala Gln Arg Asp Leu Ser Arg Leu Glu Ile Leu Ile Phe Leu<br>325 330 335     |     |     |     | 1008 |
| ctt ctg ggg gca ctg gtt tac tcg aat tcg gcg gtg aat ccc ata ctt<br>Leu Leu Gly Ala Leu Val Tyr Ser Asn Ser Ala Val Asn Pro Ile Leu<br>340 345 350     |     |     |     | 1056 |
| tat gcc ttc cta agt gag aac ttc cgg aag agc ttc ttc aag gcc ttt<br>Tyr Ala Phe Leu Ser Glu Asn Phe Arg Lys Ser Phe Phe Lys Ala Phe<br>355 360 365     |     |     |     | 1104 |
| acc tgt atg aat aag cag gat atc aac gct caa ctc cag ctg gag ccc<br>Thr Cys Met Asn Lys Gln Asp Ile Asn Ala Gln Leu Gln Leu Glu Pro<br>370 375 380     |     |     |     | 1152 |
| agt gtt ttc acc aaa cag ggc agt aaa aag agg ggt ggc tcc aag cgc                                                                                       |     |     |     | 1200 |

10

20

30

Ser Val Phe Thr Lys Gln Gly Ser Lys Lys Arg Gly Gly Ser Lys Arg  
 385 390 395 400  
 ctg ttg acc agc aat ccg cag att cct cca ctg ctg cca ctg aat gcg 1248  
 Leu Leu Thr Ser Asn Pro Gln Ile Pro Pro Leu Leu Pro Leu Asn Ala 415  
 405 410  
 ggt aac aac aat tca tcg acc acc aca tcc tcg acc acg aca gcg gaa 1296  
 Gly Asn Asn Asn Ser Ser Thr Thr Thr Ser Ser Thr Thr Thr Ala Glu 430  
 420 425  
 aag acc gga acc acg ggg aca cag aaa tca tgc aat tcc aat ggc aaa 1344  
 Lys Thr Gly Thr Thr Gly Thr Gln Lys Ser Cys Asn Ser Asn Gly Lys 445  
 435 440  
 gtg aca gct ccg ccg gag aat ttg att ata tgt ttg agc gag cag cag 1392  
 Val Thr Ala Pro Pro Glu Asn Leu Ile Ile Cys Leu Ser Glu Gln Gln 460  
 450 455  
 gag gca ttt tgc acc acc gcg aga aga gga tcg ggc gca gtg cag cag 1440  
 Glu Ala Phe Cys Thr Thr Ala Arg Arg Gly Ser Gly Ala Val Gln Gln 480  
 465 470 475  
 aca gat ttg taa 1452  
 Thr Asp Leu

10

<210> 60  
 <211> 483  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

20

<400> 60

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

30

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

10

20

30

Leu Leu Gly Ala Leu Val Tyr Ser Asn Ser Ala Val Asn Pro Ile Leu  
 340 345 350

Tyr Ala Phe Leu Ser Glu Asn Phe Arg Lys Ser Phe Phe Lys Ala Phe  
 355 360 365

Thr Cys Met Asn Lys Gln Asp Ile Asn Ala Gln Leu Gln Leu Glu Pro  
 370 375 380

Ser Val Phe Thr Lys Gln Gly Ser Lys Lys Arg Gly Gly Ser Lys Arg  
 385 390 395 400

Leu Leu Thr Ser Asn Pro Gln Ile Pro Pro Leu Leu Pro Leu Asn Ala  
 405 410 415

Gly Asn Asn Asn Ser Ser Thr Thr Thr Ser Ser Thr Thr Thr Ala Glu  
 420 425 430

Lys Thr Gly Thr Thr Gly Thr Gln Lys Ser Cys Asn Ser Asn Gly Lys  
 435 440 445

Val Thr Ala Pro Pro Glu Asn Leu Ile Ile Cys Leu Ser Glu Gln Gln  
 450 455 460

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

Thr Asp Leu

<210> 61  
 <211> 1803  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1803)  
 <223>

<400> 61  
 atg gcc aac tta agc tgg ctg agc acc atc acc acc acc tcc tcc tcc 48  
 Met Ala Asn Leu Ser Trp Leu Ser Thr Ile Thr Thr Thr Ser Ser Ser  
 1 5 10 15  
 atc agc acc agc cag ctg cca ttg gtc agc aca acc aac tgg agc cta 96  
 Ile Ser Thr Ser Gln Leu Pro Leu Val Ser Thr Thr Asn Trp Ser Leu  
 20 25 30

10

20

30



|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| acg tgc ccg gga act act agc gct atc ttg gcg gat gtg gct gca tgc<br>Thr Ser Pro Gly Thr Thr Ser Ala Ile Leu Ala Asp Val Ala Ala Ser<br>35 40 45        | 144 |
| gat gag gat agg agc ggc ggg atc att cac aac cag ttc gtg caa atc<br>Asp Glu Asp Arg Ser Gly Gly Ile Ile His Asn Gln Phe Val Gln Ile<br>50 55 60        | 192 |
| ttc ttc tac gtc ctg tac gcc acg gtc ttt gtc ctg ggt gtc ttc gga<br>Phe Phe Tyr Val Leu Tyr Ala Thr Val Phe Val Leu Gly Val Phe Gly<br>65 70 75 80     | 240 |
| aat gtc ctg gtt tgc tac gta gtt ctg agg aat cgg gcc atg cag act<br>Asn Val Leu Val Cys Tyr Val Val Leu Arg Asn Arg Ala Met Gln Thr<br>85 90 95        | 288 |
| gtg acc aat ata ttc atc acg aat ctg gcc ctg tgc gac ata ttg ctc<br>Val Thr Asn Ile Phe Ile Thr Asn Leu Ala Leu Ser Asp Ile Leu Leu<br>100 105 110     | 336 |
| tgc gtc ctg gcg gtg cca ttt act ccg ctt tac acg ttc atg ggt cgc<br>Cys Val Leu Ala Val Pro Phe Thr Pro Leu Tyr Thr Phe Met Gly Arg<br>115 120 125     | 384 |
| tgg gcc ttc ggc agg agt ctg tgc cat ctg gtg tcc ttt gcc cag gga<br>Trp Ala Phe Gly Arg Ser Leu Cys His Leu Val Ser Phe Ala Gln Gly<br>130 135 140     | 432 |
| tgc agc atc tac ata tcc acg ctg acc ctc acc tgc att gcc atc gat<br>Cys Ser Ile Tyr Ile Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Ile Ala Ile Asp<br>145 150 155 160 | 480 |
| cgg tac ttc gtt atc ata tac ccc ttc cat ccg cgc atg aag ctc tcc<br>Arg Tyr Phe Val Ile Ile Tyr Pro Phe His Pro Arg Met Lys Leu Ser<br>165 170 175     | 528 |
| acc tgc atc ggg atc ata gtg agc atc tgg gtg ata gcc ctg ctg gcc<br>Thr Cys Ile Gly Ile Ile Val Ser Ile Trp Val Ile Ala Leu Leu Ala<br>180 185 190     | 576 |
| acc gtt ccc tac ggc atg tac atg aag atg acc aac gag ctg gtg aac<br>Thr Val Pro Tyr Gly Met Tyr Met Lys Met Thr Asn Glu Leu Val Asn<br>195 200 205     | 624 |
| gga acg cag aca ggc aac gag acc ctg gtg gag gcc act cta atg cta<br>Gly Thr Gln Thr Gly Asn Glu Thr Leu Val Glu Ala Thr Leu Met Leu<br>210 215 220     | 672 |
| aac gga agc ttt gtg gcc cag gga tca gga ttc atc gag gcg ccg gac<br>Asn Gly Ser Phe Val Ala Gln Gly Ser Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asp<br>225 230 235 240 | 720 |
| tct acc tgc gcc acc cag gcc tat atg cag gtg atg acc gcc gga tca<br>Ser Thr Ser Ala Thr Gln Ala Tyr Met Gln Val Met Thr Ala Gly Ser<br>245 250 255     | 768 |
| acg gga ccg gag atg ccc tat gtg cgg gtg tac tgc gag gag aac tgg<br>Thr Gly Pro Glu Met Pro Tyr Val Arg Val Tyr Cys Glu Glu Asn Trp                    | 816 |

10

20

30

| 260                                                                                                                                                   | 265 | 270 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| cca tcg gag cag tac cgg aag gtg ttc ggt gcc atc aca acc act ctg<br>Pro Ser Glu Gln Tyr Arg Lys Val Phe Gly Ala Ile Thr Thr Thr Leu<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| cag ttt gtg ctg ccc ttc ttc atc atc tcg att tgc tac gtg tgg ata<br>Gln Phe Val Leu Pro Phe Phe Ile Ile Ser Ile Cys Tyr Val Trp Ile<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| tcg gtg aag cta aac cag cgg gcc agg gcc aag ccg gga tcg aaa tcc<br>Ser Val Lys Leu Asn Gln Arg Ala Arg Ala Lys Pro Gly Ser Lys Ser<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| tcg aga cgg gag gag gcg gat cgg gat cgc aag aag cgc acc aac cgc<br>Ser Arg Arg Glu Glu Ala Asp Arg Asp Arg Lys Lys Arg Thr Asn Arg<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| atg ctc atc gcc atg gtg gcg gta ttc gga ctc agc tgg ctg ccc atc<br>Met Leu Ile Ala Met Val Ala Val Phe Gly Leu Ser Trp Leu Pro Ile<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| aat gtg gtc aac ata ttc gat gac ttc gat gac aag tcc aac gag tgg<br>Asn Val Val Asn Ile Phe Asp Asp Phe Asp Asp Lys Ser Asn Glu Trp<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| cgc ttc tac atc cta ttc ttc ttt gtg gcc cac tct att gcc atg agc<br>Arg Phe Tyr Ile Leu Phe Phe Phe Val Ala His Ser Ile Ala Met Ser<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| tcc acc tgc tac aat ccc ttc ctg tac gcc tgg ctg aac gag aac ttc<br>Ser Thr Cys Tyr Asn Pro Phe Leu Tyr Ala Trp Leu Asn Glu Asn Phe<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| cgc aag gag ttc aag cac gtg ctg ccc tgc ttt aat ccc tcg aac aac<br>Arg Lys Glu Phe Lys His Val Leu Pro Cys Phe Asn Pro Ser Asn Asn<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| aac atc atc aac atc acc agg ggc tat aat cgg agt gat cgg aac acc<br>Asn Ile Ile Asn Ile Thr Arg Gly Tyr Asn Arg Ser Asp Arg Asn Thr<br>420 425 430     |     |     | 1296 |
| tgt ggt ccg cga ctg cat cat ggc aag ggg gat ggt ggc atg ggc ggt<br>Cys Gly Pro Arg Leu His His Gly Lys Gly Asp Gly Gly Met Gly Gly<br>435 440 445     |     |     | 1344 |
| ggc agt ctg gac gcc gac gac cag gac gag aac ggc atc acc cag gag<br>Gly Ser Leu Asp Ala Asp Asp Gln Asp Glu Asn Gly Ile Thr Gln Glu<br>450 455 460     |     |     | 1392 |
| acc tgt ctg ccc aag gag aag ctg ctg att atc ccc agg gag ccg act<br>Thr Cys Leu Pro Lys Glu Lys Leu Leu Ile Ile Pro Arg Glu Pro Thr<br>465 470 475 480 |     |     | 1440 |
| tac ggc aat ggc acg ggt gcc gtg tcg cca atc ctt agc ggg cgc ggc<br>Tyr Gly Asn Gly Thr Gly Ala Val Ser Pro Ile Leu Ser Gly Arg Gly<br>485 490 495     |     |     | 1488 |
| att aac gcc gcc ctg gtg cac ggt ggc gac cat cag atg cac cag ctg                                                                                       |     |     | 1536 |

10

20

30

Ile Asn Ala Ala Leu Val His Gly Gly Asp His Gln Met His Gln Leu  
 500 505 510  
 cag ccg tca cac cat caa cag gtg gag ctg acg agg cga atc cgc cgg 1584  
 Gln Pro Ser His His Gln Gln Val Glu Leu Thr Arg Arg Ile Arg Arg  
 515 520 525  
 cgg aca gac gag acg gac ggg gat tac ctg gac tcc ggc gac gag cag 1632  
 Arg Thr Asp Glu Thr Asp Gly Asp Tyr Leu Asp Ser Gly Asp Glu Gln  
 530 535 540  
 acc gtg gag gtg cgc ttc agc gag acg ccg ttc gtc agc acg gat aat 1680  
 Thr Val Glu Val Arg Phe Ser Glu Thr Pro Phe Val Ser Thr Asp Asn  
 545 550 555 560  
 acc acc ggg atc agc att ctg gag acg agt acg agt cac tgc cag gac 1728  
 Thr Thr Gly Ile Ser Ile Leu Glu Thr Ser Thr Ser His Cys Gln Asp  
 565 570 575  
 tcg gat gtg atg gtc gag ctg ggc gag gca atc ggc gcc ggt ggt ggg 1776  
 Ser Asp Val Met Val Glu Leu Gly Glu Ala Ile Gly Ala Gly Gly Gly  
 580 585 590  
 gca gag ctg ggg agg cga atc aac tga 1803  
 Ala Glu Leu Gly Arg Arg Ile Asn  
 595 600

<210> 62  
 <211> 600  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 62

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

10

20

30

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

10

20

30

Met Leu Ile Ala Met Val Ala Val Phe Gly Leu Ser Trp Leu Pro Ile  
 340 345 350  
 Asn Val Val Asn Ile Phe Asp Asp Phe Asp Asp Lys Ser Asn Glu Trp  
 355 360 365  
 Arg Phe Tyr Ile Leu Phe Phe Phe Val Ala His Ser Ile Ala Met Ser  
 370 375 380  
 Ser Thr Cys Tyr Asn Pro Phe Leu Tyr Ala Trp Leu Asn Glu Asn Phe  
 385 390 395 400  
 Arg Lys Glu Phe Lys His Val Leu Pro Cys Phe Asn Pro Ser Asn Asn  
 405 410 415  
 Asn Ile Ile Asn Ile Thr Arg Gly Tyr Asn Arg Ser Asp Arg Asn Thr  
 420 425 430  
 Cys Gly Pro Arg Leu His His Gly Lys Gly Asp Gly Gly Met Gly Gly  
 435 440 445  
 Gly Ser Leu Asp Ala Asp Asp Gln Asp Glu Asn Gly Ile Thr Gln Glu  
 450 455 460  
 Thr Cys Leu Pro Lys Glu Lys Leu Leu Ile Ile Pro Arg Glu Pro Thr  
 465 470 475 480  
 Tyr Gly Asn Gly Thr Gly Ala Val Ser Pro Ile Leu Ser Gly Arg Gly  
 485 490 495  
 Ile Asn Ala Ala Leu Val His Gly Gly Asp His Gln Met His Gln Leu  
 500 505 510  
 Gln Pro Ser His His Gln Gln Val Glu Leu Thr Arg Arg Ile Arg Arg  
 515 520 525  
 Arg Thr Asp Glu Thr Asp Gly Asp Tyr Leu Asp Ser Gly Asp Glu Gln  
 530 535 540  
 Thr Val Glu Val Arg Phe Ser Glu Thr Pro Phe Val Ser Thr Asp Asn  
 545 550 555 560  
 Thr Thr Gly Ile Ser Ile Leu Glu Thr Ser Thr Ser His Cys Gln Asp  
 565 570 575

10

20

30

Ser Asp Val Met Val Glu Leu Gly Glu Ala Ile Gly Ala Gly Gly Gly  
 580 585 590

Ala Glu Leu Gly Arg Arg Ile Asn  
 595 600

<210> 63  
 <211> 1428  
 <212> DNA  
 <213> Drosophila melanogaster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1428)  
 <223>

10

<400> 63  
 atg aat tca tcg acc gat ccg aca ttt tcc gag tta aac gca agt ttc 48  
 Met Asn Ser Ser Thr Asp Pro Thr Phe Ser Glu Leu Asn Ala Ser Phe  
 1 5 10 15  
 aca aat acc cca gat acc cta ttc gcc act agt gtt agt tcg gat cca 96  
 Thr Asn Thr Pro Asp Thr Leu Phe Ala Thr Ser Val Ser Ser Asp Pro  
 20 25 30  
 tcc cat gga ttt gga gag gag gac tat gcc tgc ggc acc ttt aac tgc 144  
 Ser His Gly Phe Gly Glu Glu Asp Tyr Ala Cys Gly Thr Phe Asn Cys  
 35 40 45  
 tct cca aaa gag ttt gtg gcc ttt gtg ctt gga cca cag acc tta cca 192  
 Ser Pro Lys Glu Phe Val Ala Phe Val Leu Gly Pro Gln Thr Leu Pro  
 50 55 60  
 ctt tac aag gca gtt ttg ata aca att att ttt ggt ggc ata ttt ata 240  
 Leu Tyr Lys Ala Val Leu Ile Thr Ile Ile Phe Gly Gly Ile Phe Ile  
 65 70 75 80  
 acc ggg gtc gtt ggt aat ctc tta gtg tgc att gtg att att cgc cac 288  
 Thr Gly Val Val Gly Asn Leu Leu Val Cys Ile Val Ile Ile Arg His  
 85 90 95  
 tcg gca atg cac acg gcg acc aat tac tat ctg ttc agc cta gct gtt 336  
 Ser Ala Met His Thr Ala Thr Asn Tyr Tyr Leu Phe Ser Leu Ala Val  
 100 105 110  
 tca gat ctg ctg tac cta cta ttt gga tta cca acg gaa gtg ttt ctg 384  
 Ser Asp Leu Leu Tyr Leu Leu Phe Gly Leu Pro Thr Glu Val Phe Leu  
 115 120 125  
 tac tgg cat cag tat ccg gat ctc ttc ggc atg cca ttc tgc aaa ata 432  
 Tyr Trp His Gln Tyr Pro Asp Leu Phe Gly Met Pro Phe Cys Lys Ile  
 130 135 140  
 cgc gca ttt att tca gag gca tgc acc tat gtc tcc gtc ttt acc atc 480  
 Arg Ala Phe Ile Ser Glu Ala Cys Thr Tyr Val Ser Val Phe Thr Ile

20

30

| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| gtc gca ttt tcc atg gag aga ttc ctg gcc att tgc cat cca ttg cac |     |     |     | 528  |
| Val Ala Phe Ser Met Val Gly Phe Leu Ala Ile Cys His Pro Leu His | 165 | 170 | 175 |      |
| ctg tat gct atg gtt ggc ttc aag cgc gcg att cgg ata ata aca gct |     |     |     | 576  |
| Leu Tyr Ala Met Val Gly Phe Lys Arg Ala Ile Arg Ile Ile Thr Ala | 180 | 185 | 190 |      |
| ctt tgg att gtt agt ttt ata agc gcc att cca ttt gga ctg ctc tcg |     |     |     | 624  |
| Leu Trp Ile Val Ser Phe Ile Ser Ala Ile Pro Phe Gly Leu Leu Ser | 195 | 200 | 205 |      |
| gat att caa tac ctc aac tac cca tta gat cat tcc cgc att gag gag |     |     |     | 672  |
| Asp Ile Gln Tyr Leu Asn Tyr Pro Leu Asp His Ser Arg Ile Glu Glu | 210 | 215 | 220 |      |
| tcg gca ttc tgt tcc atg tcg ccc aag att gtt aac gaa att ccc gtg |     |     |     | 720  |
| Ser Ala Phe Cys Ser Met Ser Pro Lys Ile Val Asn Glu Ile Pro Val | 225 | 230 | 235 | 240  |
| ttc gaa gta tcc ttt tgc att ttc ttt gtc att ccg atg ata ctc atc |     |     |     | 768  |
| Phe Glu Val Ser Phe Cys Ile Phe Phe Val Ile Pro Met Ile Leu Ile | 245 | 250 | 255 |      |
| att ttg ctc tac gga cga atg gga gcc aag att cga tct cga acg aac |     |     |     | 816  |
| Ile Leu Leu Tyr Gly Arg Met Gly Ala Lys Ile Arg Ser Arg Thr Asn | 260 | 265 | 270 |      |
| caa aaa ttg ggt gtt caa caa ggc acc aac aac agg gaa acg aga aac |     |     |     | 864  |
| Gln Lys Leu Gly Val Gln Gln Gly Thr Asn Asn Arg Glu Thr Arg Asn | 275 | 280 | 285 |      |
| tcc caa atg aga aag aag acg gtt att cgc atg ttg gct gct gtg gtg |     |     |     | 912  |
| Ser Gln Met Arg Lys Lys Thr Val Ile Arg Met Leu Ala Ala Val Val | 290 | 295 | 300 |      |
| att acg ttt ttc gtg tgc tgg ttc ccg ttc cac ctg caa aga ctc ata |     |     |     | 960  |
| Ile Thr Phe Phe Val Cys Trp Phe Pro Phe His Leu Gln Arg Leu Ile | 305 | 310 | 315 | 320  |
| ttc ctg tat gcc aag aac atg gat aac tat ttg gac ata aac gag gca |     |     |     | 1008 |
| Phe Leu Tyr Ala Lys Asn Met Asp Asn Tyr Leu Asp Ile Asn Glu Ala | 325 | 330 | 335 |      |
| ctc ttc tcg att gcg gga ttt gcg tac tac gtt tca tgc acc gta aat |     |     |     | 1056 |
| Leu Phe Ser Ile Ala Gly Phe Ala Tyr Tyr Val Ser Cys Thr Val Asn | 340 | 345 | 350 |      |
| cca ata gtg tac agt gtg atg tca cgt cgc tac agg gtt gcg ttc agg |     |     |     | 1104 |
| Pro Ile Val Tyr Ser Val Met Ser Arg Arg Tyr Arg Val Ala Phe Arg | 355 | 360 | 365 |      |
| gaa ctc ctc tgc gga aaa gcc gtg gcc gcc tat tac aac agc gga ttt |     |     |     | 1152 |
| Glu Leu Leu Cys Gly Lys Ala Val Gly Ala Tyr Tyr Asn Ser Gly Phe | 370 | 375 | 380 |      |
| gcg agg gat cac tcc agt ttc cgg gaa agc tcc gcc tac gac cgc gtt |     |     |     | 1200 |

10

20

30

Ala Arg Asp His Ser Ser Phe Arg Glu Ser Ser Ala Tyr Asp Arg Val  
 385 390 395 400  
 cat tct gtt cac gtc aga gcc agc cag cat cca aat aag ttc gaa acg 1248  
 His Ser Val His Val Arg Ala Ser Gln His Pro Asn Lys Phe Glu Thr  
 405 410 415  
 gac tcc tca tct gca aat agg gtg ctg ata aag aaa acc tac agc ctc 1296  
 Asp Ser Ser Ser Ala Asn Arg Val Leu Ile Lys Lys Thr Tyr Ser Leu  
 420 425 430  
 ccg cta cca aaa aat gcg gac tcc acg gtc ctg agc acc acg gac att 1344  
 Pro Leu Pro Lys Asn Ala Asp Ser Thr Val Leu Ser Thr Thr Asp Ile  
 435 440 445  
 gtc atc gtg ctg gaa aac agc cac aca gtt tgc gag gag ccc aaa gtt 1392  
 Val Ile Val Leu Glu Asn Ser His Thr Val Cys Glu Glu Pro Lys Val  
 450 455 460  
 gag aac gat att tgg atc gag aac gag gag act tgt 1428  
 Glu Asn Asp Ile Trp Ile Glu Asn Glu Glu Thr Cys  
 465 470 475

<210> 64  
 <211> 476  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 64

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

10

20

30



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

10

20

30

Pro Ile Val Tyr Ser Val Met Ser Arg Arg Tyr Arg Val Ala Phe Arg  
355 360 365

Glu Leu Leu Cys Gly Lys Ala Val Gly Ala Tyr Tyr Asn Ser Gly Phe  
370 375 380

Ala Arg Asp His Ser Ser Phe Arg Glu Ser Ser Ala Tyr Asp Arg Val  
385 390 395 400

His Ser Val His Val Arg Ala Ser Gln His Pro Asn Lys Phe Glu Thr  
405 410 415

Asp Ser Ser Ser Ala Asn Arg Val Leu Ile Lys Lys Thr Tyr Ser Leu  
420 425 430

Pro Leu Pro Lys Asn Ala Asp Ser Thr Val Leu Ser Thr Thr Asp Ile  
435 440 445

Val Ile Val Leu Glu Asn Ser His Thr Val Cys Glu Glu Pro Lys Val  
450 455 460

Glu Asn Asp Ile Trp Ile Glu Asn Glu Glu Thr Cys  
465 470 475

<210> 65  
<211> 2565  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2565)  
<223>

<400> 65  
atg gag atg caa agc tac tct ggt cgt gga cca tcg aca ggc aca tca 48  
Met Glu Met Gln Ser Tyr Ser Gly Arg Gly Pro Ser Thr Gly Thr Ser  
1 5 10 15  
gaa aca gca aca gca aca gca gca gtt gca tct gca tct gca tca gac 96  
Glu Thr Ala Thr Ala Thr Ala Ala Val Ala Ser Ala Ser Ala Ser Asp  
20 25 30  
aca gca gca aca ttc aca ctg cga cac ttc aat tgt cgg ctg gaa gag 144  
Thr Ala Ala Thr Phe Thr Leu Arg His Phe Asn Cys Arg Leu Glu Glu  
35 40 45  
gcg gat tgg cct ggg cct cgc cag ccg ttt att gac tgc gaa ggc agc 192  
Ala Asp Trp Pro Gly Pro Arg Gln Pro Phe Ile Asp Cys Glu Gly Ser  
50 55 60

10

20

30

|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| cac acc aac agc aca tcc tac acc ccc agc agc ctg ccc acc agc aaa<br>His Thr Asn Ser Thr Ser Tyr Thr Pro Ser Ser Leu Pro Thr Ser Lys<br>65 70 75 80     | 240 |
| aac ctc atc gag gga ccc aac aac aca ttc cag tgt gca cgg caa gct<br>Asn Leu Ile Glu Gly Pro Asn Asn Thr Phe Gln Cys Ala Arg Gln Ala<br>85 90 95        | 288 |
| atc gac gaa gcg gag cac aac gca ttc tat agt tgc gat ggg gaa agc<br>Ile Asp Glu Ala Glu His Asn Ala Phe Tyr Ser Cys Asp Gly Glu Ser<br>100 105 110     | 336 |
| cca ttg tct gaa aac tgc act ttg agg ctg aag gcg cga ctg ttg cga<br>Pro Leu Ser Glu Asn Cys Thr Leu Arg Leu Lys Ala Arg Leu Leu Arg<br>115 120 125     | 384 |
| tgg ccg tac gag gcg tat gag cac att cga ctg gca atc aac ggg gca<br>Trp Pro Tyr Glu Ala Tyr Glu His Ile Arg Leu Ala Ile Asn Gly Ala<br>130 135 140     | 432 |
| ctc agt gat tat gct agt gat aaa ctt agt gat agt tcg agc tgc gat<br>Leu Ser Asp Tyr Ala Ser Asp Lys Leu Ser Asp Ser Ser Ser Cys Asp<br>145 150 155 160 | 480 |
| gaa gga ggc atg gtg ttg caa tgt aag ctg ggt cag gcc cat gaa cta<br>Glu Gly Gly Met Val Leu Gln Cys Lys Leu Gly Gln Ala His Glu Leu<br>165 170 175     | 528 |
| ttg ctt tgt cat ttg caa caa ctc gag agg gag cca ctg cgg gag gtg<br>Leu Leu Cys His Leu Gln Gln Leu Glu Arg Glu Pro Leu Arg Glu Val<br>180 185 190     | 576 |
| gga agc gcg gag gag agc ttc tcc aac gac agc ctt ctg cag gcc ttt<br>Gly Ser Ala Glu Glu Ser Phe Ser Asn Asp Ser Leu Leu Gln Ala Phe<br>195 200 205     | 624 |
| caa atc gaa ctg ggc gca gag cgc gat gga ctc tgg tcc ttc ctt aat<br>Gln Ile Glu Leu Gly Ala Glu Arg Asp Gly Leu Trp Ser Phe Leu Asn<br>210 215 220     | 672 |
| cta agc gag cta atg gag ccc gat cac gga ttc ctg ggc atc atg aat<br>Leu Ser Glu Leu Met Glu Pro Asp His Gly Phe Leu Gly Ile Met Asn<br>225 230 235 240 | 720 |
| gtc acc aac act agc tta gac atg ttt ttg ccg aac ctt aca gcc ctg<br>Val Thr Asn Thr Ser Leu Asp Met Phe Leu Pro Asn Leu Thr Ala Leu<br>245 250 255     | 768 |
| aac acg acc tcc acg gcc tcc act gca gac atg gcc acc gag ttc gcg<br>Asn Thr Thr Ser Thr Ala Ser Thr Ala Asp Met Ala Thr Glu Phe Ala<br>260 265 270     | 816 |
| gta aca aag agc ttt ctg gac tac agt ccc cac ggc tac gat ttc cta<br>Val Thr Lys Ser Phe Leu Asp Tyr Ser Pro His Gly Tyr Asp Phe Leu<br>275 280 285     | 864 |
| ttc ctg ttc gtg gtg ttc ttt atc ttc gcg ggt ggc ctg ggt aat atc<br>Phe Leu Phe Val Val Phe Phe Ile Phe Ala Gly Gly Leu Gly Asn Ile                    | 912 |

10

20

30

| 290                                                                                                                                                   | 295 | 300 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| ctt gtg tgc cta gcc gtt gcc ttg gac cgg aaa ctg cag aat gtg act<br>Leu Val Cys Leu Ala Val Ala Leu Asp Arg Lys Leu Gln Asn Val Thr<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| aac tac ttc ctg ttt tcc ctg gct ata gcc gat ctc ctg gtc agt ttg<br>Asn Tyr Phe Leu Phe Ser Leu Ala Ile Ala Asp Leu Leu Val Ser Leu<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| ttt gtg atg ccc atg ggc gcg ata cca gct ttt ttg ggg tat tgg cca<br>Phe Val Met Pro Met Gly Ala Ile Pro Ala Phe Leu Gly Tyr Trp Pro<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| ctt ggc ttt acc tgg tgc aac att tat gtg acg tgt gac gta ctg gcc<br>Leu Gly Phe Thr Trp Cys Asn Ile Tyr Val Thr Cys Asp Val Leu Ala<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| tgc tca tcc agt ata ttg cac atg tgc ttc atc agt ttg gga cgc tat<br>Cys Ser Ser Ser Ile Leu His Met Cys Phe Ile Ser Leu Gly Arg Tyr<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| atg aga ata aga aat cca ttg ggc tgc agg cat cga tct acg aaa cga<br>Met Arg Ile Arg Asn Pro Leu Gly Ser Arg His Arg Ser Thr Lys Arg<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| ttg act ggt ata aag ata gcc att gtt tgg gta atg gcc atg atg gta<br>Leu Thr Gly Ile Lys Ile Ala Ile Val Trp Val Met Ala Met Met Val<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| tcc agt tca ata acc gtt ctt ggt ctg gtc aat gaa aag aac ata atg<br>Ser Ser Ser Ile Thr Val Leu Gly Leu Val Asn Glu Lys Asn Ile Met<br>420 425 430     |     |     | 1296 |
| ccc gag cct aac ata tgc gtt atc aac aat cgc gcc ttt ttc gtg ttt<br>Pro Glu Pro Asn Ile Cys Val Ile Asn Asn Arg Ala Phe Phe Val Phe<br>435 440 445     |     |     | 1344 |
| gga tct ctg gta gct ttt tat ata ccc atg ctg atg atg gtt acc aca<br>Gly Ser Leu Val Ala Phe Tyr Ile Pro Met Leu Met Met Val Thr Thr<br>450 455 460     |     |     | 1392 |
| tac gca ttg acg att ccc ctc ctc cgg aag aaa gcg cga ttt gcc gcc<br>Tyr Ala Leu Thr Ile Pro Leu Leu Arg Lys Lys Ala Arg Phe Ala Ala<br>465 470 475 480 |     |     | 1440 |
| gag cac ccg gaa agt gaa ctt ttt cgc agg ttg ggt gga cgc ttc acc<br>Glu His Pro Glu Ser Glu Leu Phe Arg Arg Leu Gly Gly Arg Phe Thr<br>485 490 495     |     |     | 1488 |
| cta agg ccg cag cac agc cag cag cag ttg cag atg ttc agt agc ttt<br>Leu Arg Pro Gln His Ser Gln Gln Gln Leu Gln Met Phe Ser Ser Phe<br>500 505 510     |     |     | 1536 |
| tct ggc agc aat aac aaa ttc cta tca atg ggc gac gcc aat cgc aac<br>Ser Gly Ser Asn Asn Lys Phe Leu Ser Met Gly Asp Gly Asn Arg Asn<br>515 520 525     |     |     | 1584 |
| ttc aac act gaa gga gag atg gag gag ggt gga gct cct agc aga agg                                                                                       |     |     | 1632 |

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Phe | Asn | Thr | Glu | Gly | Glu | Met | Glu | Glu | Gly | Gly | Ala | Pro | Ser | Arg | Arg |      |  |
| 530 |     |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |      |  |
| agt | ggc | gta | gag | ccc | gcc | gaa | cga | cct | ttg | atg | caa | cag | cga | acg | gcg | 1680 |  |
| Ser | Gly | Val | Glu | Pro | Ala | Glu | Arg | Pro | Leu | Met | Gln | Gln | Arg | Thr | Ala |      |  |
| 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |      |  |
| agc | agc | agg | agc | atg | ggc | acg | gtt | agt | ttc | cgt | aat | gtc | gtg | aac | ggg | 1728 |  |
| Ser | Ser | Arg | Ser | Met | Gly | Thr | Val | Ser | Phe | Arg | Asn | Val | Val | Asn | Gly |      |  |
|     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |      |  |
| act | agc | gga | gcc | gca | gga | agt | ggg | cgc | agg | acg | aca | ggc | act | gcc | cac | 1776 |  |
| Thr | Ser | Gly | Ala | Ala | Gly | Ser | Gly | Arg | Arg | Thr | Thr | Gly | Thr | Ala | His |      |  |
|     |     |     |     | 580 |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |      |  |
| agc | agc | ttc | cgg | ttc | tct | ggc | gcc | ggc | atc | ctt | cgg | cac | tcg | tcg | tcg | 1824 |  |
| Ser | Ser | Phe | Arg | Phe | Ser | Gly | Ala | Gly | Ile | Leu | Arg | His | Ser | Ser | Ser |      |  |
|     |     | 595 |     |     |     | 600 |     |     |     |     |     | 605 |     |     |     |      |  |
| tct | ccc | gcc | tcg | agc | tgc | cac | tcc | acc | agc | acg | tcg | cgt | tcg | agc | tcc | 1872 |  |
| Ser | Pro | Ala | Ser | Ser | Cys | His | Ser | Thr | Ser | Thr | Ser | Arg | Ser | Ser | Ser |      |  |
|     | 610 |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |      |  |
| ttc | tgg | cgc | aaa | cac | ggc | ggc | tat | cca | aac | cta | atg | gac | agc | cat | cca | 1920 |  |
| Phe | Trp | Arg | Lys | His | Gly | Gly | Tyr | Pro | Asn | Leu | Met | Asp | Ser | His | Pro |      |  |
| 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     |     | 640 |      |  |
| aat | cga | cgg | gca | tct | gtg | cgt | gtc | acc | atc | tcc | cag | cca | caa | ttg | ggc | 1968 |  |
| Asn | Arg | Arg | Ala | Ser | Val | Arg | Val | Thr | Ile | Ser | Gln | Pro | Gln | Leu | Gly |      |  |
|     |     |     |     | 645 |     |     |     | 650 |     |     |     |     |     | 655 |     |      |  |
| tac | ccg | acc | aat | gta | ggc | gga | aat | gga | ggc | gga | act | gtt | gga | gcg | acg | 2016 |  |
| Tyr | Pro | Thr | Asn | Val | Gly | Gly | Asn | Gly | Gly | Gly | Thr | Val | Gly | Ala | Thr |      |  |
|     |     |     | 660 |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |      |  |
| gag | gtg | ggg | gct | ggc | aat | ggc | tca | tca | gcc | ggc | aga | acg | agc | aac |     | 2064 |  |
| Glu | Val | Gly | Ala | Gly | Gly | Asn | Gly | Ser | Ser | Ala | Gly | Arg | Thr | Ser | Asn |      |  |
|     |     | 675 |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |     |     |     |      |  |
| tca | tct | cct | gga | ggc | acg | agc | ttg | atg | aaa | atc | gca | acc | atc | cag | gga | 2112 |  |
| Ser | Ser | Pro | Gly | Gly | Thr | Ser | Leu | Met | Lys | Ile | Ala | Thr | Ile | Gln | Gly |      |  |
|     |     | 690 |     |     |     | 695 |     |     |     |     | 700 |     |     |     |     |      |  |
| ccg | ata | ctg | aac | caa | agt | cag | gca | gct | gga | ggc | aat | cac | atg | gtg | caa | 2160 |  |
| Pro | Ile | Leu | Asn | Gln | Ser | Gln | Ala | Ala | Gly | Gly | Asn | His | Met | Val | Gln |      |  |
|     |     | 705 |     |     | 710 |     |     |     |     | 715 |     |     |     |     | 720 |      |  |
| aag | gtg | aag | ccg | acg | gct | tta | aaa | ccg | gaa | gaa | cca | cag | cgc | aac | aaa | 2208 |  |
| Lys | Val | Lys | Pro | Thr | Ala | Leu | Lys | Pro | Glu | Glu | Pro | Gln | Arg | Asn | Lys |      |  |
|     |     |     | 725 |     |     |     |     | 730 |     |     |     |     |     | 735 |     |      |  |
| gtg | cgg | ccc | ttt | aaa | ttt | gcc | ttc | aac | cgc | gtt | gcc | acg | ccc | acc | ctc | 2256 |  |
| Val | Arg | Pro | Phe | Lys | Phe | Ala | Phe | Asn | Arg | Val | Ala | Thr | Pro | Thr | Leu |      |  |
|     |     |     | 740 |     |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |     |      |  |
| aat | ttg | cgt | ttt | cta | aac | aat | cgc | agt | aaa | cga | aac | agc | ttg | tcg | gcc | 2304 |  |
| Asn | Leu | Arg | Phe | Leu | Asn | Asn | Arg | Ser | Lys | Arg | Asn | Ser | Leu | Ser | Ala |      |  |
|     |     | 755 |     |     |     |     | 760 |     |     |     |     | 765 |     |     |     |      |  |

10

20

30

aat gcc gtt gct acg gag cag aag gcc acc aag gtg ctc gga ttg gtg 2352  
 Asn Ala Val Ala Thr Glu Gln Lys Ala Thr Lys Val Leu Gly Leu Val  
 770 775 780  
 ttt ttc acc ttc gtt ctg tgc tgg tgc cct ttc ttc atc ttg aac att 2400  
 Phe Phe Thr Phe Val Leu Cys Trp Ser Pro Phe Phe Ile Leu Asn Ile  
 785 790 795 800  
 ata ttt gcc gca tgc ccc gag tgc caa gtg ccg gag cac gtg gtg aat 2448  
 Ile Phe Ala Ala Cys Pro Glu Cys Gln Val Pro Glu His Val Val Asn  
 805 810 815  
 acc tgc ctt tgg ctt ggc tat gtc tcc tgc acg atc aat ccc atc atc 2496  
 Thr Cys Leu Trp Leu Gly Tyr Val Ser Ser Thr Ile Asn Pro Ile Ile  
 820 825 830  
 tac acc ata ttc aat cgc acg ttc cgg gcg gcc ttt atc cgc ctg ctc 2544  
 Tyr Thr Ile Phe Asn Arg Thr Phe Arg Ala Ala Phe Ile Arg Leu Leu  
 835 840 845  
 aag tgc aac tgc aaa cgg tga 2565  
 Lys Cys Asn Cys Lys Arg  
 850

<210> 66  
 <211> 854  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 66

Met Glu Met Gln Ser Tyr Ser Gly Arg Gly Pro Ser Thr Gly Thr Ser  
 1 5 10 15

Glu Thr Ala Thr Ala Thr Ala Ala Val Ala Ser Ala Ser Ala Ser Asp  
 20 25 30

Thr Ala Ala Thr Phe Thr Leu Arg His Phe Asn Cys Arg Leu Glu Glu  
 35 40 45

Ala Asp Trp Pro Gly Pro Arg Gln Pro Phe Ile Asp Cys Glu Gly Ser  
 50 55 60

His Thr Asn Ser Thr Ser Tyr Thr Pro Ser Ser Leu Pro Thr Ser Lys  
 65 70 75 80

Asn Leu Ile Glu Gly Pro Asn Asn Thr Phe Gln Cys Ala Arg Gln Ala  
 85 90 95

Ile Asp Glu Ala Glu His Asn Ala Phe Tyr Ser Cys Asp Gly Glu Ser  
 100 105 110

10

20

30

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

10

20

30

Leu Gly Phe Thr Trp Cys Asn Ile Tyr Val Thr Cys Asp Val Leu Ala  
 355 360 365  
 Cys Ser Ser Ser Ile Leu His Met Cys Phe Ile Ser Leu Gly Arg Tyr  
 370 375 380  
 Met Arg Ile Arg Asn Pro Leu Gly Ser Arg His Arg Ser Thr Lys Arg  
 385 390 395 400  
 Leu Thr Gly Ile Lys Ile Ala Ile Val Trp Val Met Ala Met Met Val  
 405 410 415  
 Ser Ser Ser Ile Thr Val Leu Gly Leu Val Asn Glu Lys Asn Ile Met  
 420 425 430  
 Pro Glu Pro Asn Ile Cys Val Ile Asn Asn Arg Ala Phe Phe Val Phe  
 435 440 445  
 Gly Ser Leu Val Ala Phe Tyr Ile Pro Met Leu Met Met Val Thr Thr  
 450 455 460  
 Tyr Ala Leu Thr Ile Pro Leu Leu Arg Lys Lys Ala Arg Phe Ala Ala  
 465 470 475 480  
 Glu His Pro Glu Ser Glu Leu Phe Arg Arg Leu Gly Gly Arg Phe Thr  
 485 490 495  
 Leu Arg Pro Gln His Ser Gln Gln Gln Leu Gln Met Phe Ser Ser Phe  
 500 505 510  
 Ser Gly Ser Asn Asn Lys Phe Leu Ser Met Gly Asp Gly Asn Arg Asn  
 515 520 525  
 Phe Asn Thr Glu Gly Glu Met Glu Glu Gly Gly Ala Pro Ser Arg Arg  
 530 535 540  
 Ser Gly Val Glu Pro Ala Glu Arg Pro Leu Met Gln Gln Arg Thr Ala  
 545 550 555 560  
 Ser Ser Arg Ser Met Gly Thr Val Ser Phe Arg Asn Val Val Asn Gly  
 565 570 575  
 Thr Ser Gly Ala Ala Gly Ser Gly Arg Arg Thr Thr Gly Thr Ala His

10

20

30



30

Thr Cys Leu Trp Leu Gly Tyr Val Ser Ser Thr Ile Asn Pro Ile Ile  
820 825 830

Tyr Thr Ile Phe Asn Arg Thr Phe Arg Ala Ala Phe Ile Arg Leu Leu  
835 840 845

Lys Cys Asn Cys Lys Arg  
850

<210> 67  
<211> 1446  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

10

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1446)  
<223>

<400> 67  
atg aat cag acg gag ccc gcc cag ctg gcg gat ggg gag cat ctg agt 48  
Met Asn Gln Thr Glu Pro Ala Gln Leu Ala Asp Gly Glu His Leu Ser  
1 5 10 15  
gga tac gcc agc agc agc aac agc gtg cgc tat ctg gac gac cgg cat 96  
Gly Tyr Ala Ser Ser Ser Asn Ser Val Arg Tyr Leu Asp Asp Arg His  
20 25 30  
ccg ctg gac tac ctt gac ctg ggc acg gtg cac gcc ctc aac acc act 144  
Pro Leu Asp Tyr Leu Asp Leu Gly Thr Val His Ala Leu Asn Thr Thr  
35 40 45  
gcc atc aac acc tcg gat ctg aat gag act ggg agt agg ccg ctg gac 192  
Ala Ile Asn Thr Ser Asp Leu Asn Glu Thr Gly Ser Arg Pro Leu Asp  
50 55 60  
ccg gtg ctt atc gat agg ttc ctg agc aac agg gcg gtg gac agc ccc 240  
Pro Val Leu Ile Asp Arg Phe Leu Ser Asn Arg Ala Val Asp Ser Pro  
65 70 75 80  
tgg tac cac atg ctc atc agc atg tac ggc gtg cta atc gtc ttc ggc 288  
Trp Tyr His Met Leu Ile Ser Met Tyr Gly Val Leu Ile Val Phe Gly  
85 90 95  
gcc cta ggc aac acc ctg gtt gtt ata gcc gtc atc cgg aag ccc atc 336  
Ala Leu Gly Asn Thr Leu Val Val Ile Ala Val Ile Arg Lys Pro Ile  
100 105 110  
atg cgc act gct cgc aat ctg ttc atc ctc aac ctg gcc ata tcg gac 384  
Met Arg Thr Ala Arg Asn Leu Phe Ile Leu Asn Leu Ala Ile Ser Asp  
115 120 125  
cta ctt tta tgc cta gtc acc atg ccg ctg acc ttg atg gag atc ctg 432  
Leu Leu Leu Cys Leu Val Thr Met Pro Leu Thr Leu Met Glu Ile Leu  
130 135 140

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tcc aag tac tgg ccc tac ggc tcc tgc tcc atc ctg tgc aaa acg att<br>Ser Lys Tyr Trp Pro Tyr Gly Ser Cys Ser Ile Leu Cys Lys Thr Ile<br>145 150 155 160 | 480  |
| gcc atg ctg cag gca ctt tgt att ttc gtg tgc aca ata tcc ata acg<br>Ala Met Leu Gln Ala Leu Cys Ile Phe Val Ser Thr Ile Ser Ile Thr<br>165 170 175     | 528  |
| gcc att gcc ttc gac aga tat cag gtg atc gtg tac ccc acg cgg gac<br>Ala Ile Ala Phe Asp Arg Tyr Gln Val Ile Val Tyr Pro Thr Arg Asp<br>180 185 190     | 576  |
| agc ctg cag ttc gtg ggc gcg gtg acg atc ctg gcg ggg atc tgg gca<br>Ser Leu Gln Phe Val Gly Ala Val Thr Ile Leu Ala Gly Ile Trp Ala<br>195 200 205     | 624  |
| ctg gca ctg ctg ctg gcc tgc ccg ctg ttc gtc tac aag gag ctg atc<br>Leu Ala Leu Leu Leu Ala Ser Pro Leu Phe Val Tyr Lys Glu Leu Ile<br>210 215 220     | 672  |
| aac aca gac acg ccg gca ctc ctg cag cag atc ggc ctg cag gac acg<br>Asn Thr Asp Thr Pro Ala Leu Leu Gln Gln Ile Gly Leu Gln Asp Thr<br>225 230 235 240 | 720  |
| atc ccg tac tgc att gag gac tgg cca agt cgc aac ggg cgc ttc tac<br>Ile Pro Tyr Cys Ile Glu Asp Trp Pro Ser Arg Asn Gly Arg Phe Tyr<br>245 250 255     | 768  |
| tac tgc atc ttc tgc ctg tgc gta caa tac ctg gtg ccc atc ctg atc<br>Tyr Ser Ile Phe Ser Leu Cys Val Gln Tyr Leu Val Pro Ile Leu Ile<br>260 265 270     | 816  |
| gtc tgc gtg gca tac ttc ggg atc tac aac aag ctg aag agc cgc atc<br>Val Ser Val Ala Tyr Phe Gly Ile Tyr Asn Lys Leu Lys Ser Arg Ile<br>275 280 285     | 864  |
| acc gtg gtg gct gtg cag gcg tcc tcc gct cag cgg aag gtg gag cgg<br>Thr Val Val Ala Val Gln Ala Ser Ser Ala Gln Arg Lys Val Glu Arg<br>290 295 300     | 912  |
| ggg cgg cgg atg aag cgc acc aac tgc cta ctg atc agc atc gcc atc<br>Gly Arg Arg Met Lys Arg Thr Asn Cys Leu Leu Ile Ser Ile Ala Ile<br>305 310 315 320 | 960  |
| atc ttt ggc gtt tct tgg ctg ccg ctg aac ttt ttc aac ctg tac gcg<br>Ile Phe Gly Val Ser Trp Leu Pro Leu Asn Phe Phe Asn Leu Tyr Ala<br>325 330 335     | 1008 |
| gac atg gag cgc tgc ccg gtc act cag agc atg cta gtc cgc tac gcc<br>Asp Met Glu Arg Ser Pro Val Thr Gln Ser Met Leu Val Arg Tyr Ala<br>340 345 350     | 1056 |
| atc tgc cac atg atc ggc atg agc tcc gcc tgc tcc aac ccg ttg ctc<br>Ile Cys His Met Ile Gly Met Ser Ser Ala Cys Ser Asn Pro Leu Leu<br>355 360 365     | 1104 |
| tac ggc tgg ctc aac gac aac ttc cgt aaa gaa ttt caa gaa ctg ctc<br>Tyr Gly Trp Leu Asn Asp Asn Phe Arg Lys Glu Phe Gln Glu Leu Leu<br>370 375 380     | 1152 |

10

20

30

tgc cgt tgc tca gac act aat gtt gct ctt aac ggt cac acg aca ggc 1200  
 Cys Arg Cys Ser Asp Thr Asn Val Ala Leu Asn Gly His Thr Thr Gly  
 385 390 395 400  
 tgc aac gtc cag gcg gcg gcg cgc agg cgt cgc aag ttg ggc gcc gaa 1248  
 Cys Asn Val Gln Ala Ala Ala Arg Arg Arg Arg Lys Leu Gly Ala Glu  
 405 410 415  
 ctc tcc aaa ggc gaa ctc aag ctg ctg ggg cca ggc ggc gcc cag agc 1296  
 Leu Ser Lys Gly Glu Leu Lys Leu Leu Gly Pro Gly Gly Ala Gln Ser  
 420 425 430  
 ggt acc gcc ggc ggg gaa ggc ggt ctg gcg gcc acc gac ttc atg acc 1344  
 Gly Thr Ala Gly Gly Glu Gly Leu Ala Ala Thr Asp Phe Met Thr  
 435 440 445  
 ggc cac cac gag ggc gga ctg cgc agc gcc ata acc gag tcg gtg gcc 1392  
 Gly His His Glu Gly Gly Leu Arg Ser Ala Ile Thr Glu Ser Val Ala  
 450 455 460  
 ctc acg gac cac aac ccc gtg ccc tcg gag gtc acc aag ctg atg ccg 1440  
 Leu Thr Asp His Asn Pro Val Pro Ser Glu Val Thr Lys Leu Met Pro  
 465 470 475 480  
 cgg taa 1446  
 Arg

10

<210> 68  
 <211> 481  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <400> 68

20

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

30

Ala Leu Gly Asn Thr Leu Val Val Ile Ala Val Ile Arg Lys Pro Ile  
100 105 110

Met Arg Thr Ala Arg Asn Leu Phe Ile Leu Asn Leu Ala Ile Ser Asp  
115 120 125

Leu Leu Leu Cys Leu Val Thr Met Pro Leu Thr Leu Met Glu Ile Leu  
130 135 140

Ser Lys Tyr Trp Pro Tyr Gly Ser Cys Ser Ile Leu Cys Lys Thr Ile  
145 150 155 160

Ala Met Leu Gln Ala Leu Cys Ile Phe Val Ser Thr Ile Ser Ile Thr  
165 170 175

Ala Ile Ala Phe Asp Arg Tyr Gln Val Ile Val Tyr Pro Thr Arg Asp  
180 185 190

Ser Leu Gln Phe Val Gly Ala Val Thr Ile Leu Ala Gly Ile Trp Ala  
195 200 205

Leu Ala Leu Leu Leu Ala Ser Pro Leu Phe Val Tyr Lys Glu Leu Ile  
210 215 220

Asn Thr Asp Thr Pro Ala Leu Leu Gln Gln Ile Gly Leu Gln Asp Thr  
225 230 235 240

Ile Pro Tyr Cys Ile Glu Asp Trp Pro Ser Arg Asn Gly Arg Phe Tyr  
245 250 255

Tyr Ser Ile Phe Ser Leu Cys Val Gln Tyr Leu Val Pro Ile Leu Ile  
260 265 270

Val Ser Val Ala Tyr Phe Gly Ile Tyr Asn Lys Leu Lys Ser Arg Ile  
275 280 285

Thr Val Val Ala Val Gln Ala Ser Ser Ala Gln Arg Lys Val Glu Arg  
290 295 300

Gly Arg Arg Met Lys Arg Thr Asn Cys Leu Leu Ile Ser Ile Ala Ile  
305 310 315 320

Ile Phe Gly Val Ser Trp Leu Pro Leu Asn Phe Phe Asn Leu Tyr Ala

10

20

30

[illegible]

Arg

```
<210> 69
<211> 3060
<212> DNA
<213> Drosophila melanogaster
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3060)
<223>
```

<400> 69  
atg cgg tcg ctt aac aag tcg gcg ggc gag gag gag ctg act ggc ctg 48  
Met Arg Ser Leu Asn Lys Ser Ala Gly Glu Glu Glu Leu Thr Gly Leu  
1 5 10 15  
aat ggc aac tcc agc gac tcc atc tat acc atc aaq aac aaq tgg atc 96

10

20

30

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| Asn Gly Asn Ser Ser Asp Ser Ile Tyr Thr Ile Lys Asn Lys Trp Ile |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| acc gac tgg agc ctt aga agg gag cgg gat aag ctg tgc agc ttc att | 144 |
| Thr Asp Trp Ser Leu Arg Arg Glu Arg Asp Lys Leu Cys Ser Phe Ile |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| ttc aag cga gtc ctg acg cac acg gag tgc aaa cgt ctg ttg gag gcg | 192 |
| Phe Lys Arg Val Leu Thr His Thr Glu Cys Lys Arg Leu Leu Glu Ala |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| gcc aag atc tat ggc gag agc agt gac ttc aat tcc tgg ccg gtt aat | 240 |
| Ala Lys Ile Tyr Gly Glu Ser Ser Asp Phe Asn Ser Trp Pro Val Asn |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| gaa cag ctg caa tgg tac agg aac ttc gat gtg aac aat acg aac ctt | 288 |
| Glu Gln Leu Gln Trp Tyr Arg Asn Phe Asp Val Asn Asn Thr Asn Leu |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| ctg ttg gct gtt aga aat caa tcc tct gat ggc ggt tcc acc atg tgc | 336 |
| Leu Leu Ala Val Arg Asn Gln Ser Ser Asp Gly Gly Ser Thr Met Ser |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| gga tcc agt tcc gac tgc gag att ctt ggt cct gtt ttg cca cca ttt | 384 |
| Gly Ser Ser Ser Asp Ser Glu Ile Leu Gly Pro Val Leu Pro Pro Phe |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| gca ctg tgg cag acg atc ctg ata gcc ata tgc ctg gcg atc tgt atc | 432 |
| Ala Leu Trp Gln Thr Ile Leu Ile Ala Ile Cys Leu Ala Ile Cys Ile |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| att ctt acg gtg ggc ggt aat atc ctg gtg cta ctg gcc ttc atc gtg | 480 |
| Ile Leu Thr Val Gly Gln Asn Ile Leu Val Leu Ala Phe Ile Val     |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| gac agg aat att cgg cag ccc agc aac tac ttt att gcc tcc cta gca | 528 |
| Asp Arg Asn Ile Arg Gln Pro Ser Asn Tyr Phe Ile Ala Ser Leu Ala |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| gcc acg gat atg cta ata gga acc gtt tgc atg ccc ttc tac acg ata | 576 |
| Ala Thr Asp Met Leu Ile Gly Thr Val Ser Met Pro Phe Tyr Thr Ile |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| tac gtg ctc aag ggt tat tgg gac ctg ggt ccg atg ctc tgc gat ctc | 624 |
| Tyr Val Leu Lys Gly Tyr Trp Asp Leu Gly Pro Met Leu Cys Asp Leu |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| tgg ctt tcc gtc gac tat act gtg tgt ctg gtg tcc cag tac acg gtg | 672 |
| Trp Leu Ser Val Asp Tyr Thr Val Cys Leu Val Ser Gln Tyr Thr Val |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| ctg ttg atc acg ata gat cgc tac tgc tct gtg aag att gcc gcc aag | 720 |
| Leu Leu Ile Thr Ile Asp Arg Tyr Cys Ser Val Lys Ile Ala Ala Lys |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| tac cgg agt tgg agg acg aga acc aga gtg ata tat atg gtc aca atc | 768 |
| Tyr Arg Ser Trp Arg Thr Arg Thr Arg Val Ile Tyr Met Val Thr Ile |     |
| 245 250 255                                                     |     |

10

20

30

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| act tgg atc att ccc gct ctg ctc ttc ttc atc tcg att ttt gga tgg | 816  |
| Thr Trp Ile Ile Pro Ala Leu Leu Phe Phe Ile Ser Ile Phe Gly Trp |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| gag cac ttc acc ggc aag cgg gat cta ctt cct ggc cag tgc gcc gtt | 864  |
| Glu His Phe Thr Gly Lys Arg Asp Leu Leu Pro Gly Gln Cys Ala Val |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| cag ttt ctc aag gat ccg atc ttt aat acg gcc cta atc att ggc tac | 912  |
| Gln Phe Leu Lys Asp Pro Ile Phe Asn Thr Ala Leu Ile Ile Gly Tyr |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| tat tgg acc aca cta att gtg ctt ttt gtc tta tat gcc ggg atc tac | 960  |
| Tyr Trp Thr Thr Leu Ile Val Leu Phe Val Leu Tyr Ala Gly Ile Tyr |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| aaa aca gcc tat gat atg caa aag cgc agt gag gcg aag caa cgg aaa | 1008 |
| Lys Thr Ala Tyr Asp Met Gln Lys Arg Ser Glu Ala Lys Gln Arg Lys |      |
| 325 330 335                                                     |      |
| atg caa tcc atg gtg gca ctg agt gct gga gcg atg tcc gga atg gca | 1056 |
| Met Gln Ser Met Val Ala Leu Ser Ala Gly Ala Met Ser Gly Met Ala |      |
| 340 345 350                                                     |      |
| ggt cat gca gct ggc att ggt gtg att gag gag aaa atc cta aag acc | 1104 |
| Gly His Ala Ala Gly Ile Gly Val Ile Glu Glu Lys Ile Leu Lys Thr |      |
| 355 360 365                                                     |      |
| aaa gtg gaa ctt gcg gga gat caa acc gat ttg gat agt gcc tgc acc | 1152 |
| Lys Val Glu Leu Ala Gly Gln Thr Asp Leu Asp Ser Ala Cys Thr     |      |
| 370 375 380                                                     |      |
| aca gtg att aag aga tta agt ggt tcc ggt cag gca aat cct ctg gcc | 1200 |
| Thr Val Ile Lys Arg Leu Ser Gly Ser Gly Gln Ala Asn Pro Leu Ala |      |
| 385 390 395 400                                                 |      |
| gtg gcc acc gag gaa gtg gag aag atg aca ccg gaa cag agg aga gcg | 1248 |
| Val Ala Thr Glu Glu Val Glu Lys Met Thr Pro Glu Gln Arg Arg Ala |      |
| 405 410 415                                                     |      |
| tcg gca gca aaa atc cag gag gag gcg aaa aaa cgt gag gca gcc gtg | 1296 |
| Ser Ala Ala Lys Ile Gln Glu Glu Ala Lys Lys Arg Glu Ala Ala Val |      |
| 420 425 430                                                     |      |
| gat gcg gaa aag agc gag aga tcc agc agt cct gcc ttc gat tcc gat | 1344 |
| Asp Ala Glu Lys Ser Glu Arg Ser Ser Ser Pro Ala Phe Asp Ser Asp |      |
| 435 440 445                                                     |      |
| gag gaa tca tcc gtc aac cag gcc cag cag ttg atc acc cag cag aaa | 1392 |
| Glu Glu Ser Ser Val Asn Gln Ala Gln Gln Leu Ile Thr Gln Gln Lys |      |
| 450 455 460                                                     |      |
| ttg aac aac atg agg aag cgg tca tcg att ggt ctg gtc ttt ggg gca | 1440 |
| Leu Asn Asn Met Arg Lys Arg Ser Ser Ile Gly Leu Val Phe Gly Ala |      |
| 465 470 475 480                                                 |      |
| cag gcc gcc ctg ctg gcc act cgt ggc aaa ggt aac ttg cag aag agc | 1488 |
| Gln Ala Ala Leu Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Asn Leu Gln Lys Ser |      |
| 485 490 495                                                     |      |

10

20

30



|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| acc act aac tcc aag tcg atc gag gcc atg cac cag tac cac cac cac | 1536 |
| Thr Thr Asn Ser Lys Ser Ile Glu Ala Met His Gln Tyr His His His |      |
| 500 505 510                                                     |      |
| caa cag cac cat cac aac cag agt ccg tta cag cgg gcg cag agc aag | 1584 |
| Gln Gln His His His Asn Gln Ser Pro Leu Gln Arg Ala Gln Ser Lys |      |
| 515 520 525                                                     |      |
| gaa gag atg cgc tcc ctg cac cac cac cag aac cag caa caa ccg cac | 1632 |
| Glu Glu Met Arg Ser Leu His His His Gln Asn Gln Gln Gln Pro His |      |
| 530 535 540                                                     |      |
| cac cag cac cac caa aac cag ccg aac cca ccg ctg gac agg ccc aag | 1680 |
| His Gln His His Gln Asn Gln Pro Asn Pro Pro Leu Asp Arg Pro Lys |      |
| 545 550 555 560                                                 |      |
| cgc aca tcc tgc tcc aca ctg tcc cag ata gcc gag cat gat cgt ttg | 1728 |
| Arg Thr Ser Cys Ser Thr Leu Ser Gln Ile Ala Glu His Asp Arg Leu |      |
| 565 570 575                                                     |      |
| gtc gac ctg tcc gct cct cca aca tta ctc aac acc agt gat ccc ctg | 1776 |
| Val Asp Leu Ser Ala Pro Pro Thr Leu Leu Asn Thr Ser Asp Pro Leu |      |
| 580 585 590                                                     |      |
| tcc ccc gtg gac ttg gca ccc atc gag gtc cct agc gat caa gtg cat | 1824 |
| Ser Pro Val Asp Leu Ala Pro Ile Glu Val Pro Ser Asp Gln Val His |      |
| 595 600 605                                                     |      |
| cag ggt ctg gtg cag acc att ttg cca cct ccc gac gcc ttt cag tgc | 1872 |
| Gln Gly Leu Val Gln Thr Ile Leu Pro Pro Pro Asp Ala Phe Gln Cys |      |
| 610 615 620                                                     |      |
| ccc acc ccg ctc tcc gat gac tac tcg gat cgt ccc ttt ggg aat agt | 1920 |
| Pro Thr Pro Leu Ser Asp Asp Tyr Ser Asp Arg Pro Phe Gly Asn Ser |      |
| 625 630 635 640                                                 |      |
| tcc ggt aac agt gaa ctg gcc ctg acc tat gac ctg atg acg aac tcg | 1968 |
| Ser Gly Asn Ser Glu Leu Ala Leu Thr Tyr Asp Leu Met Thr Asn Ser |      |
| 645 650 655                                                     |      |
| gag cta cgc tat atg gac gag agc tcc gcc atg ctg gcc agt gtg acg | 2016 |
| Glu Leu Arg Tyr Met Asp Glu Ser Ser Ala Met Leu Ala Ser Val Thr |      |
| 660 665 670                                                     |      |
| gcc aac tcg acg acc tcc ccg aat gac agc gtc cag ggg aaa cca cca | 2064 |
| Ala Asn Ser Thr Thr Ser Pro Asn Asp Ser Val Gln Gly Lys Pro Pro |      |
| 675 680 685                                                     |      |
| gtc ctg cct cca cca ccg ccc gca cgc cga aat cca cca aaa tcg aac | 2112 |
| Val Leu Pro Pro Pro Pro Pro Ala Arg Arg Asn Pro Pro Lys Ser Asn |      |
| 690 695 700                                                     |      |
| ctg aac cag agc ctc agt caa act ccc agc caa aac cag agt ccc agc | 2160 |
| Leu Asn Gln Ser Leu Ser Gln Thr Pro Ser Gln Asn Gln Ser Pro Ser |      |
| 705 710 715 720                                                 |      |
| caa agc ctg agc ctc aac ctg aat ccg aat cac aac cag agt cag agt | 2208 |
| Gln Ser Leu Ser Leu Asn Leu Asn Pro Asn His Asn Gln Ser Gln Ser |      |

10

20

30

| 725 |     |     |     |     |     |     |     | 730 |     |     |     | 735 |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| cag | agt | atc | gag | gag | gcg | gtg | gcc | att | gaa | aaa | cgt | ctt | ctc | gtc | tcg | 2256 |
| Gln | Ser | Ile | Glu | Glu | Ala | Val | Ala | Ile | Glu | Lys | Arg | Leu | Leu | Val | Ser |      |
|     |     |     | 740 |     |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |     |      |
| tac | aca | gga | atc | gag | gac | ttt | gct | aag | gtg | agg | cgg | gag | agc | tgc | att | 2304 |
| Tyr | Thr | Gly | Ile | Glu | Asp | Phe | Ala | Lys | Val | Arg | Arg | Glu | Ser | Cys | Ile |      |
|     |     | 755 |     |     |     |     | 760 |     |     |     |     | 765 |     |     |     |      |
| gag | gcc | atc | tgc | ctg | ttg | gat | gtg | ccc | gga | aag | cta | gct | gcg | gac | tgt | 2352 |
| Glu | Ala | Ile | Cys | Leu | Leu | Asp | Val | Pro | Gly | Lys | Leu | Ala | Ala | Asp | Cys |      |
|     | 770 |     |     |     |     | 775 |     |     |     |     | 780 |     |     |     |     |      |
| ccc | cat | cgc | cgg | gcc | tcc | agt | cct | atg | gag | acc | agc | agc | aag | gat | gcc | 2400 |
| Pro | His | Arg | Arg | Ala | Ser | Ser | Pro | Met | Glu | Thr | Ser | Ser | Lys | Asp | Ala |      |
|     |     |     |     |     | 790 |     |     |     |     | 795 |     |     |     |     | 800 |      |
| ata | ctc | tat | tcc | cgg | atg | cca | cca | atg | cca | ctc | tca | ccc | aag | gta | aag | 2448 |
| Ile | Leu | Tyr | Ser | Pro | Met | Pro | Pro | Met | Pro | Leu | Ser | Pro | Lys | Val | Lys |      |
|     |     |     |     | 805 |     |     |     |     | 810 |     |     |     |     | 815 |     |      |
| act | tca | acg | cca | caa | acg | gga | acg | ccc | cag | tcg | gcg | gcg | ggt | gta | aca | 2496 |
| Thr | Ser | Thr | Pro | Gln | Thr | Gly | Thr | Pro | Gln | Ser | Ala | Ala | Gly | Val | Thr |      |
|     |     |     | 820 |     |     |     |     | 825 |     |     |     |     | 830 |     |     |      |
| cca | cgg | gtg | cca | ctg | gaa | agg | att | gag | gag | cga | gaa | acc | tcg | gac | agt | 2544 |
| Pro | Pro | Val | Pro | Leu | Glu | Arg | Ile | Glu | Glu | Arg | Glu | Thr | Ser | Asp | Ser |      |
|     |     | 835 |     |     |     |     | 840 |     |     |     |     | 845 |     |     |     |      |
| aat | acc | aac | aag | atg | ccc | tcc | acc | tcg | ggc | acc | acc | agc | agt | acg | ggc | 2592 |
| Asn | Thr | Asn | Lys | Met | Pro | Ser | Thr | Ser | Gly | Thr | Thr | Ser | Ser | Thr | Gly |      |
|     | 850 |     |     |     |     | 855 |     |     |     |     | 860 |     |     |     |     |      |
| ggt | gtg | ggt | gga | ggc | ggg | gaa | caa | gac | ggt | ggt | ggt | gcc | acc | aaa | aag | 2640 |
| Gly | Val | Gly | Gly | Gly | Gly | Glu | Gln | Asp | Gly | Val | Gly | Ala | Thr | Lys | Lys |      |
|     | 865 |     |     |     | 870 |     |     |     | 875 |     |     |     |     |     | 880 |      |
| aac | gcg | ggg | gat | gac | gat | gcc | aac | agg | gag | gag | aag | agt | ttg | gcg | gcc | 2688 |
| Asn | Ala | Gly | Asp | Asp | Asp | Ala | Asn | Arg | Glu | Glu | Lys | Ser | Leu | Ala | Ala |      |
|     |     |     | 885 |     |     |     |     |     | 890 |     |     |     |     | 895 |     |      |
| agc | cga | aac | tcc | agc | aaa | agg | gca | ttc | att | cat | tcg | ata | gga | aag | cac | 2736 |
| Ser | Arg | Asn | Ser | Ser | Lys | Arg | Ala | Phe | Ile | His | Ser | Ile | Gly | Lys | His |      |
|     |     |     | 900 |     |     |     |     | 905 |     |     |     |     | 910 |     |     |      |
| ttc | aag | agc | aag | aag | gct | cta | ccc | ctg | atc | ctt | gga | gtg | ggt | gga | cgg | 2784 |
| Phe | Lys | Ser | Lys | Lys | Ala | Leu | Pro | Leu | Ile | Leu | Gly | Val | Gly | Gly | Arg |      |
|     |     | 915 |     |     |     |     | 920 |     |     |     |     | 925 |     |     |     |      |
| cag | aag | tcc | aag | tcg | gag | aat | cgt | gct | cgc | aaa | gcg | ttt | cgc | acg | atc | 2832 |
| Gln | Lys | Ser | Lys | Ser | Glu | Asn | Arg | Ala | Arg | Lys | Ala | Phe | Arg | Thr | Ile |      |
|     | 930 |     |     |     |     | 935 |     |     |     |     | 940 |     |     |     |     |      |
| tcg | ttc | att | ttg | ggc | tgc | ttc | gtg | gcc | tgc | tgg | aca | ccc | tac | cat | gtg | 2880 |
| Ser | Phe | Ile | Leu | Gly | Cys | Phe | Val | Ala | Cys | Trp | Thr | Pro | Tyr | His | Val |      |
|     | 945 |     |     |     | 950 |     |     |     |     | 955 |     |     |     |     | 960 |      |
| ttg | gcc | ctc | gtc | gag | gga | ttc | tgc | cgg | cat | cgg | ccc | tgc | atc | aat | gaa | 2928 |

10

20

30

Leu Ala Leu Val Glu Gly Phe Cys Arg His Pro Pro Cys Ile Asn Glu  
 965 970 975  
 cac ctc tac atg ttc tgc tac ttc ctc tgc tac gcc aac agc ccg atg 2976  
 His Leu Tyr Met Phe Ser Tyr Phe Leu Cys Tyr Ala Asn Ser Pro Met  
 980 985 990  
 aat cct ttt tgc tac gct ctg gcc aat cag cag ttc aag aag acc ttt 3024  
 Asn Pro Phe Cys Tyr Ala Leu Ala Asn Gln Gln Phe Lys Lys Thr Phe  
 995 1000 1005  
 acg cgg atc ctc aag ggg gat ctg cac atg acc taa 3060  
 Thr Arg Ile Leu Lys Gly Asp Leu His Met Thr  
 1010 1015

<210> 70  
 <211> 1019  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 70

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

Asn Gly Asn Ser Ser Asp Ser Ile Tyr Thr Ile Lys Asn Lys Trp Ile  
 20 25 30

Thr Asp Trp Ser Leu Arg Arg Glu Arg Asp Lys Leu Cys Ser Phe Ile  
 35 40 45

Phe Lys Arg Val Leu Thr His Thr Glu Cys Lys Arg Leu Leu Glu Ala  
 50 55 60

Ala Lys Ile Tyr Gly Glu Ser Ser Asp Phe Asn Ser Trp Pro Val Asn  
 65 70 75 80

Glu Gln Leu Gln Trp Tyr Arg Asn Phe Asp Val Asn Asn Thr Asn Leu  
 85 90 95

Leu Leu Ala Val Arg Asn Gln Ser Ser Asp Gly Gly Ser Thr Met Ser  
 100 105 110

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

Ala Leu Trp Gln Thr Ile Leu Ile Ala Ile Cys Leu Ala Ile Cys Ile  
 130 135 140

10

20

30

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

10

20

30

Thr Val Ile Lys Arg Leu Ser Gly Ser Gly Gln Ala Asn Pro Leu Ala  
 385 390 395 400  
 Val Ala Thr Glu Glu Val Glu Lys Met Thr Pro Glu Gln Arg Arg Ala  
 405 410 415  
 Ser Ala Ala Lys Ile Gln Glu Glu Ala Lys Lys Arg Glu Ala Ala Val  
 420 425 430  
 Asp Ala Glu Lys Ser Glu Arg Ser Ser Ser Pro Ala Phe Asp Ser Asp  
 435 440 445  
 Glu Glu Ser Ser Val Asn Gln Ala Gln Gln Leu Ile Thr Gln Gln Lys  
 450 455 460  
 Leu Asn Asn Met Arg Lys Arg Ser Ser Ile Gly Leu Val Phe Gly Ala  
 465 470 475 480  
 Gln Ala Ala Leu Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Asn Leu Gln Lys Ser  
 485 490 495  
 Thr Thr Asn Ser Lys Ser Ile Glu Ala Met His Gln Tyr His His His  
 500 505 510  
 Gln Gln His His His Asn Gln Ser Pro Leu Gln Arg Ala Gln Ser Lys  
 515 520 525  
 Glu Glu Met Arg Ser Leu His His His Gln Asn Gln Gln Gln Pro His  
 530 535 540  
 His Gln His His Gln Asn Gln Pro Asn Pro Pro Leu Asp Arg Pro Lys  
 545 550 555 560  
 Arg Thr Ser Cys Ser Thr Leu Ser Gln Ile Ala Glu His Asp Arg Leu  
 565 570 575  
 Val Asp Leu Ser Ala Pro Pro Thr Leu Leu Asn Thr Ser Asp Pro Leu  
 580 585 590  
 Ser Pro Val Asp Leu Ala Pro Ile Glu Val Pro Ser Asp Gln Val His  
 595 600 605  
 Gln Gly Leu Val Gln Thr Ile Leu Pro Pro Pro Asp Ala Phe Gln Cys  
 610 615 620

10

20

30

Pro Thr Pro Leu Ser Asp Asp Tyr Ser Asp Arg Pro Phe Gly Asn Ser  
 625 630 635 640  
 Ser Gly Asn Ser Glu Leu Ala Leu Thr Tyr Asp Leu Met Thr Asn Ser  
 645 650 655  
 Glu Leu Arg Tyr Met Asp Glu Ser Ser Ala Met Leu Ala Ser Val Thr  
 660 665 670  
 Ala Asn Ser Thr Thr Ser Pro Asn Asp Ser Val Gln Gly Lys Pro Pro  
 675 680 685  
 Val Leu Pro Pro Pro Pro Pro Ala Arg Arg Asn Pro Pro Lys Ser Asn  
 690 695 700  
 Leu Asn Gln Ser Leu Ser Gln Thr Pro Ser Gln Asn Gln Ser Pro Ser  
 705 710 715 720  
 Gln Ser Leu Ser Leu Asn Leu Asn Pro Asn His Asn Gln Ser Gln Ser  
 725 730 735  
 Gln Ser Ile Glu Glu Ala Val Ala Ile Glu Lys Arg Leu Leu Val Ser  
 740 745 750  
 Tyr Thr Gly Ile Glu Asp Phe Ala Lys Val Arg Arg Glu Ser Cys Ile  
 755 760 765  
 Glu Ala Ile Cys Leu Leu Asp Val Pro Gly Lys Leu Ala Ala Asp Cys  
 770 775 780  
 Pro His Arg Arg Ala Ser Ser Pro Met Glu Thr Ser Ser Lys Asp Ala  
 785 790 795 800  
 Ile Leu Tyr Ser Pro Met Pro Pro Met Pro Leu Ser Pro Lys Val Lys  
 805 810 815  
 Thr Ser Thr Pro Gln Thr Gly Thr Pro Gln Ser Ala Ala Gly Val Thr  
 820 825 830  
 Pro Pro Val Pro Leu Glu Arg Ile Glu Glu Arg Glu Thr Ser Asp Ser  
 835 840 845  
 Asn Thr Asn Lys Met Pro Ser Thr Ser Gly Thr Thr Ser Ser Thr Gly

10

20

30

850                      855                      860  
 Gly Val Gly Gly Gly Gly Glu Gln Asp Gly Val Gly Ala Thr Lys Lys  
 865                      870                      875                      880  
 Asn Ala Gly Asp Asp Asp Ala Asn Arg Glu Glu Lys Ser Leu Ala Ala  
 885                      890                      895  
 Ser Arg Asn Ser Ser Lys Arg Ala Phe Ile His Ser Ile Gly Lys His  
 900                      905                      910  
 Phe Lys Ser Lys Lys Ala Leu Pro Leu Ile Leu Gly Val Gly Gly Arg  
 915                      920                      925  
 Gln Lys Ser Lys Ser Glu Asn Arg Ala Arg Lys Ala Phe Arg Thr Ile  
 930                      935                      940  
 Ser Phe Ile Leu Gly Cys Phe Val Ala Cys Trp Thr Pro Tyr His Val  
 945                      950                      955                      960  
 Leu Ala Leu Val Glu Gly Phe Cys Arg His Pro Pro Cys Ile Asn Glu  
 965                      970                      975  
 His Leu Tyr Met Phe Ser Tyr Phe Leu Cys Tyr Ala Asn Ser Pro Met  
 980                      985                      990  
 Asn Pro Phe Cys Tyr Ala Leu Ala Asn Gln Gln Phe Lys Lys Thr Phe  
 995                      1000                      1005  
 Thr Arg Ile Leu Lys Gly Asp Leu His Met Thr  
 1010                      1015  
  
 <210> 71  
 <211> 1515  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1515)  
 <223>  
  
 <400> 71  
 atg tcg gag att gtc gac acc gag ctg ctg gtc aac tgc acc atc ctc 48  
 Met Ser Glu Ile Val Asp Thr Glu Leu Leu Val Asn Cys Thr Ile Leu  
 1                      5                      10                      15  
 gcc gtc cgt cga ttc gag ctg aat agc att gtg aac acc acg ctc ctg 96

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Ala | Val | Arg | Arg | Phe | Glu | Leu | Asn | Ser | Ile | Val | Asn | Thr | Thr | Leu | Leu |     |  |
|     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |  |
| ggc | agt | ctc | aac | aga | acc | gag | gtg | gtc | agc | ctc | ttg | tcg | agc | att | atc | 144 |  |
| Gly | Ser | Leu | Asn | Arg | Thr | Glu | Val | Val | Ser | Leu | Leu | Ser | Ser | Ile | Ile |     |  |
|     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |     |     |  |
| gac | aat | cgg | gat | aat | ctc | gag | agc | atc | aat | gag | gcc | aaa | gac | ttt | ctg | 192 |  |
| Asp | Asn | Arg | Asp | Asn | Leu | Glu | Ser | Ile | Asn | Glu | Ala | Lys | Asp | Phe | Leu |     |  |
|     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |
| acc | gag | tgc | ctg | ttt | cca | tcg | cgc | aca | aga | cgc | tac | gag | ttg | cca | tgg | 240 |  |
| Thr | Glu | Cys | Leu | Phe | Pro | Ser | Pro | Thr | Arg | Pro | Tyr | Glu | Leu | Pro | Trp |     |  |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |  |
| gag | cag | aaa | acg | att | tgg | gcc | ata | att | ttc | ggt | ctg | atg | atg | ttt | gtg | 288 |  |
| Glu | Gln | Lys | Thr | Ile | Trp | Ala | Ile | Ile | Phe | Gly | Leu | Met | Met | Phe | Val |     |  |
|     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |  |
| gcc | att | gct | ggc | aat | ggt | att | gtt | ctc | tgg | atc | gtt | aca | gga | cat | cgc | 336 |  |
| Ala | Ile | Ala | Gly | Asn | Gly | Ile | Val | Leu | Trp | Ile | Val | Thr | Gly | His | Arg |     |  |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |  |
| agc | atg | agg | acg | gtc | aca | aat | tac | ttc | ctg | ctg | aac | ttg | agc | atc | gcc | 384 |  |
| Ser | Met | Arg | Thr | Val | Thr | Asn | Tyr | Phe | Leu | Leu | Asn | Leu | Ser | Ile | Ala |     |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| gac | ctg | ctg | atg | tcg | tcg | ctg | aac | tgc | gtc | ttc | aac | ttt | ata | ttc | atg | 432 |  |
| Asp | Leu | Leu | Met | Ser | Ser | Leu | Asn | Cys | Val | Phe | Asn | Phe | Ile | Phe | Met |     |  |
|     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |
| ctg | aac | tca | gat | tgg | cca | ttc | ggt | tcg | att | tat | tgc | aca | atc | aac | aat | 480 |  |
| Leu | Asn | Ser | Asp | Trp | Pro | Phe | Gly | Ser | Ile | Tyr | Cys | Thr | Ile | Asn | Asn |     |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |
| ttc | gtg | gcc | aac | gtc | acg | gtc | tct | acg | tcg | gtc | ttc | acg | ctc | gtg | gcc | 528 |  |
| Phe | Val | Ala | Asn | Val | Thr | Val | Ser | Thr | Ser | Val | Phe | Thr | Leu | Val | Ala |     |  |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |  |
| ata | agt | ttc | gat | aga | tac | atc | gcc | att | gtg | cat | cgc | ctg | aaa | cgc | cgc | 576 |  |
| Ile | Ser | Phe | Asp | Arg | Tyr | Ile | Ala | Ile | Val | His | Pro | Leu | Lys | Arg | Arg |     |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |
| acg | tcg | cgt | cgg | aag | gtg | cgc | atc | atc | ctg | gtc | ctg | atc | tgg | gca | ctc | 624 |  |
| Thr | Ser | Arg | Arg | Lys | Val | Arg | Ile | Ile | Leu | Val | Leu | Ile | Trp | Ala | Leu |     |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| agc | tgt | gtg | ctg | tcg | gcg | cca | tgt | ctg | ctc | tac | tcc | agc | atc | atg | acc | 672 |  |
| Ser | Cys | Val | Leu | Ser | Ala | Pro | Cys | Leu | Leu | Tyr | Ser | Ser | Ser | Ile | Met | Thr |  |
|     |     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |  |
| aag | cac | tat | tac | aat | gga | aaa | tcg | agg | aca | gtc | tgc | ttc | atg | atg | tgg | 720 |  |
| Lys | His | Tyr | Tyr | Asn | Gly | Lys | Ser | Arg | Thr | Val | Cys | Phe | Met | Met | Trp |     |  |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |  |
| cca | gat | gga | cga | tat | ccc | act | tct | atg | gct | gat | tat | gca | tac | aac | ctg | 768 |  |
| Pro | Asp | Gly | Arg | Tyr | Pro | Thr | Ser | Met | Ala | Asp | Tyr | Ala | Tyr | Asn | Leu |     |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |  |

10

20

30



|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| atc atc ctg gta ctg acc tac ggc att ccc atg att gtg atg ctc ata<br>Ile Ile Leu Val Leu Thr Tyr Gly Ile Pro Met Ile Val Met Leu Ile<br>260 265 270     | 816  |
| tgc tac tct ctc atg ggt cgt gtc ctg tgg ggc agt aga tca atc ggc<br>Cys Tyr Ser Leu Met Gly Arg Val Leu Trp Gly Ser Arg Ser Ile Gly<br>275 280 285     | 864  |
| gag aac acg gat cgc cag atg gag tgc atg aag tgc aag cgg aag gtg<br>Glu Asn Thr Asp Arg Gln Met Glu Ser Met Lys Ser Lys Arg Lys Val<br>290 295 300     | 912  |
| gtg cgc atg ttt att gcc atc gtg tcc atc ttt gcc att tgc tgg ctg<br>Val Arg Met Phe Ile Ala Ile Val Ser Ile Phe Ala Ile Cys Trp Leu<br>305 310 315 320 | 960  |
| ccg tat cac ctg ttc ttc atc tac gcc tac cac aac aac cag gtg gca<br>Pro Tyr His Leu Phe Phe Ile Tyr Ala Tyr His Asn Asn Gln Val Ala<br>325 330 335     | 1008 |
| tcc acg aag tac gtg caa cat atg tat ctc ggt ttc tac tgg ctg gcc<br>Ser Thr Lys Tyr Val Gln His Met Tyr Leu Gly Phe Tyr Trp Leu Ala<br>340 345 350     | 1056 |
| atg tcc aat gct atg gtc aat ccg ctc att tac tac tgg atg aat aag<br>Met Ser Asn Ala Met Val Asn Pro Leu Ile Tyr Tyr Trp Met Asn Lys<br>355 360 365     | 1104 |
| agg ttc cgg atg tac ttc cag cgg atc atc tgc tgc tgt tgc gtg ggc<br>Arg Phe Arg Met Tyr Phe Gln Arg Ile Ile Cys Cys Cys Val Gly<br>370 375 380         | 1152 |
| ctc acc cgc cat cga ttc gac tgc ccg aag agc cgg ttg acg aac aag<br>Leu Thr Arg His Arg Phe Asp Ser Pro Lys Ser Arg Leu Thr Asn Lys<br>385 390 395 400 | 1200 |
| aac agc tgc aac cgg cac aca aga gcg gag acc aag agt cag tgg aag<br>Asn Ser Ser Asn Arg His Thr Arg Ala Glu Thr Lys Ser Gln Trp Lys<br>405 410 415     | 1248 |
| cgc agc acg atg gag acg cag atc cag cag gcg ccg gtc acc agc tct<br>Arg Ser Thr Met Glu Thr Gln Ile Gln Gln Ala Pro Val Thr Ser Ser<br>420 425 430     | 1296 |
| tgc cgg gag cag cgg agt gca cag cag cag cag cca ccc gga agt gga<br>Cys Arg Glu Gln Arg Ser Ala Gln Gln Gln Gln Pro Pro Gly Ser Gly<br>435 440 445     | 1344 |
| acc aat cgg gca gcc gtc gag tgt att atg gaa cgg ccg gcg gat gga<br>Thr Asn Arg Ala Ala Val Glu Cys Ile Met Glu Arg Pro Ala Asp Gly<br>450 455 460     | 1392 |
| tcc agt tgc ccg ctg tgc ctt tgc atc aac aac agc atc ggt gag cgg<br>Ser Ser Ser Pro Leu Cys Leu Ser Ile Asn Asn Ser Ile Gly Glu Arg<br>465 470 475 480 | 1440 |
| cag cgc gtg aaa atc aaa tac atc tcc tgt gac gag gac aat aat ccc<br>Gln Arg Val Lys Ile Lys Tyr Ile Ser Cys Asp Glu Asp Asn Asn Pro<br>485 490 495     | 1488 |

10

20

30

gtg gag ctc agt ccc aag cag atg tga  
 Val Glu Leu Ser Pro Lys Gln Met  
 500

1515

<210> 72  
 <211> 504  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 72

Met Ser Glu Ile Val Asp Thr Glu Leu Leu Val Asn Cys Thr Ile Leu  
 1 5 10 15

Ala Val Arg Arg Phe Glu Leu Asn Ser Ile Val Asn Thr Thr Leu Leu  
 20 25 30

Gly Ser Leu Asn Arg Thr Glu Val Val Ser Leu Leu Ser Ser Ile Ile  
 35 40 45

Asp Asn Arg Asp Asn Leu Glu Ser Ile Asn Glu Ala Lys Asp Phe Leu  
 50 55 60

Thr Glu Cys Leu Phe Pro Ser Pro Thr Arg Pro Tyr Glu Leu Pro Trp  
 65 70 75 80

Glu Gln Lys Thr Ile Trp Ala Ile Ile Phe Gly Leu Met Met Phe Val  
 85 90 95

Ala Ile Ala Gly Asn Gly Ile Val Leu Trp Ile Val Thr Gly His Arg  
 100 105 110

Ser Met Arg Thr Val Thr Asn Tyr Phe Leu Leu Asn Leu Ser Ile Ala  
 115 120 125

Asp Leu Leu Met Ser Ser Leu Asn Cys Val Phe Asn Phe Ile Phe Met  
 130 135 140

Leu Asn Ser Asp Trp Pro Phe Gly Ser Ile Tyr Cys Thr Ile Asn Asn  
 145 150 155 160

Phe Val Ala Asn Val Thr Val Ser Thr Ser Val Phe Thr Leu Val Ala  
 165 170 175

Ile Ser Phe Asp Arg Tyr Ile Ala Ile Val His Pro Leu Lys Arg Arg  
 180 185 190

10

20

30

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

10

20

30

420                      425                      430  
 Cys Arg Glu Gln Arg Ser Ala Gln Gln Gln Gln Pro Pro Gly Ser Gly  
           435                      440                      445  
 Thr Asn Arg Ala Ala Val Glu Cys Ile Met Glu Arg Pro Ala Asp Gly  
           450                      455                      460  
 Ser Ser Ser Pro Leu Cys Leu Ser Ile Asn Asn Ser Ile Gly Glu Arg  
           465                      470                      475                      480  
 Gln Arg Val Lys Ile Lys Tyr Ile Ser Cys Asp Glu Asp Asn Asn Pro  
                           485                      490                      495  
 Val Glu Leu Ser Pro Lys Gln Met  
                           500

<210> 73  
 <211> 1494  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1494)  
 <223>

<400> 73  
 atg ctc gta aaa acg ctt ggc gcg aat ttt gca gcc ggg caa aat gca 48  
 Met Leu Val Lys Thr Leu Gly Ala Asn Phe Ala Ala Gly Gln Asn Ala  
   1                  5                  10                  15  
 aaa aaa tgc agc tgc tgc gct ctg ctg att tcc ctg ctc tgc gta tta 96  
 Lys Lys Cys Ser Cys Cys Ala Leu Leu Ile Ser Leu Leu Cys Val Leu  
                   20                  25                  30  
 ctt ctt agt cta aac cct tta cca gta acc agt cat gtc act agc gcc 144  
 Leu Leu Ser Leu Asn Pro Leu Pro Val Thr Ser His Val Thr Ser Ala  
                   35                  40                  45  
 gga tca tca aca gcc cta tct tcc gat ccc aac cta gtg ctg gtc aac 192  
 Gly Ser Ser Thr Ala Leu Ser Ser Asp Pro Asn Leu Val Leu Val Asn  
                   50                  55                  60  
 aaa tgc tgc gag aag ttc gag ata cac gtg gac cat gag tgt cag cag 240  
 Lys Cys Cys Glu Lys Phe Glu Ile His Val Asp His Glu Cys Gln Gln  
   65                  70                  75                  80  
 gtc aac gaa acg gac tac ttc cag ccg atg ttc acc agc tat gga gga 288  
 Val Asn Glu Thr Asp Tyr Phe Gln Pro Met Phe Thr Ser Tyr Gly Gly  
                   85                  90                  95  
 gag caa aac agg ccc gtt aag ttc aaa ttc gtc atc ggg att cca aat 336

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |    |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|----|
| Glu | Gln | Asn | Arg | Pro | Val | Lys | Phe | Lys | Phe | Val | Ile | Gly | Ile | Pro | Asn |      |    |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |      |    |
| tgt | gga | tcc | atg | cag | atg | tgg | cca | ata | tac | cac | tat | gct | ggc | agc | tct | 384  |    |
| Cys | Gly | Ser | Met | Gln | Met | Trp | Pro | Ile | Tyr | His | Tyr | Ala | Gly | Ser | Ser |      |    |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |      |    |
| gat | aag | cta | gtg | tta | ctg | gat | gat | ggg | agg | cta | agg | cat | tac | acc | aat | 432  |    |
| Asp | Lys | Leu | Val | Leu | Leu | Asp | Asp | Gly | Arg | Leu | Arg | His | Tyr | Thr | Asn |      |    |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |      |    |
| gcc | gaa | aac | gaa | gca | gag | gag | cgt | cat | gga | ata | caa | tcg | gat | tat | gag | 480  |    |
| Ala | Glu | Asn | Glu | Ala | Glu | Glu | Arg | His | Gly | Ile | Gln | Ser | Asp | Tyr | Glu |      |    |
|     | 145 |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |      |    |
| gag | gat | att | gcc | ggc | agt | ctg | gaa | ccg | cta | tac | cat | gac | tac | gat | aag | 528  | 10 |
| Glu | Asp | Ile | Ala | Gly | Ser | Leu | Glu | Pro | Leu | Tyr | His | Asp | Tyr | Asp | Lys |      |    |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |      |    |
| gga | ttg | tat | tgc | att | gac | aag | gcc | act | tcc | agt | act | gga | gag | gaa | aat | 576  |    |
| Gly | Leu | Tyr | Cys | Ile | Asp | Lys | Ala | Thr | Ser | Ser | Thr | Gly | Glu | Glu | Asn |      |    |
|     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |      |    |
| gtg | cta | ttc | gcc | aac | att | tgc | ttg | gcc | cgc | aag | gag | atc | aag | tgg | agt | 624  |    |
| Val | Leu | Phe | Ala | Asn | Ile | Cys | Leu | Ala | Arg | Lys | Glu | Ile | Lys | Trp | Ser |      |    |
|     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |      |    |
| gac | tca | aac | ttt | ctg | ctc | cgc | aaa | atc | tta | aac | cca | att | ttc | cat | ggc | 672  |    |
| Asp | Ser | Asn | Phe | Leu | Leu | Arg | Lys | Ile | Leu | Asn | Pro | Ile | Phe | His | Gly |      |    |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |      |    |
| atc | tcg | ctt | gtt | atc | ctg | ctg | gtc | atc | gcc | atc | atc | tat | ttt | ata | ctt | 720  | 20 |
| Ile | Ser | Leu | Val | Ile | Leu | Leu | Val | Ile | Ala | Ile | Ile | Tyr | Phe | Ile | Leu |      |    |
|     | 225 |     |     |     | 230 |     |     | 235 |     |     |     |     |     | 240 |     |      |    |
| cct | act | ctc | agc | aga | gat | ctg | gtt | ggc | aac | att | gtg | aca | acg | ata | gcc | 768  |    |
| Pro | Thr | Leu | Ser | Arg | Asp | Leu | Val | Gly | Asn | Ile | Val | Thr | Thr | Ile | Ala |      |    |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |      |    |
| atg | tgc | ctt | atg | gta | agc | cag | gca | gca | gac | ctt | gta | aga | att | ttc | acc | 816  |    |
| Met | Cys | Leu | Met | Val | Ser | Gln | Ala | Ala | Asp | Leu | Val | Arg | Ile | Phe | Thr |      |    |
|     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |      |    |
| gag | ctg | acc | agc | cat | gtg | agc | ttc | att | gtg | gcg | gac | att | atc | ctg | tgc | 864  |    |
| Glu | Leu | Thr | Ser | His | Val | Ser | Phe | Ile | Val | Ala | Asp | Ile | Ile | Leu | Cys |      |    |
|     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |    |
| ttc | agc | ctc | ttg | gca | gcc | ttc | ttc | tgg | ctg | aac | agt | ttc | ggc | ttt | tac | 912  | 30 |
| Phe | Ser | Leu | Leu | Ala | Ala | Phe | Phe | Trp | Leu | Asn | Ser | Phe | Gly | Phe | Tyr |      |    |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |    |
| atc | tgg | aag | acc | ttt | cgt | tcg | agg | aac | gtc | ttc | ctg | cga | gtc | acg | gac | 960  |    |
| Ile | Trp | Lys | Thr | Phe | Arg | Ser | Arg | Asn | Val | Phe | Leu | Arg | Val | Thr | Asp |      |    |
|     | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |      |    |
| ggc | aag | aag | tac | tgc | tat | tat | tca | gcg | tat | gct | tgg | gga | tgc | aca | gca | 1008 |    |
| Gly | Lys | Lys | Tyr | Cys | Tyr | Tyr | Ser | Ala | Tyr | Ala | Trp | Gly | Cys | Thr | Ala |      |    |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |     |      |    |

acg atg gct gca ctg gct gtc ttc gca cat ttc ttc ctc gac gcc gaa 1056  
 Thr Met Ala Ala Leu Ala Val Phe Ala His Phe Phe Leu Asp Ala Glu  
 340 345 350  
 tcc tac aaa cag gag cac atg gtg ggc gag caa gag acg atc ggc tgg 1104  
 Ser Tyr Lys Gln Glu His Met Val Gly Glu Gln Glu Thr Ile Gly Trp  
 355 360 365  
 cta ggc ata tgc ata ttc ttt gct cca att gct tgt acc att ttg gta 1152  
 Leu Gly Ile Cys Ile Phe Phe Ala Pro Ile Ala Cys Thr Ile Leu Val  
 370 375 380  
 aac ata ttc ttc tat gtg acc acc agg aag ttg att aac cgc agg acg 1200  
 Asn Ile Phe Phe Tyr Val Thr Thr Arg Lys Leu Ile Asn Arg Arg Thr  
 385 390 395 400  
 gta tac ggc cgc att gcg cac aaa ttg aaa gcc aat ttt atc atg ttc 1248  
 Val Tyr Gly Arg Ile Ala His Lys Leu Lys Ala Asn Phe Ile Met Phe  
 405 410 415  
 tog ctg atg ctg tta gta atg tct ata gcc tgg cta ttc ctc ata atg 1296  
 Ser Leu Met Leu Leu Val Met Ser Ile Ala Trp Leu Phe Leu Ile Met  
 420 425 430  
 tcc tgg ttg cag atg gaa ggc ctg ctt tac gcc cac atc gta gtt aac 1344  
 Ser Trp Leu Gln Met Glu Gly Leu Leu Tyr Ala His Ile Val Val Asn  
 435 440 445  
 gcc ctg cag acg ccg ctg ttg cta tac ata tgc gtg ctg cgc cag cga 1392  
 Ala Leu Gln Thr Pro Leu Leu Leu Tyr Ile Cys Val Leu Arg Gln Arg  
 450 455 460  
 cat gtg aca ttt ctg ctt aaa aag acc tgc tgc tac aat gag cca ccg 1440  
 His Val Thr Phe Leu Leu Lys Lys Thr Cys Cys Tyr Asn Glu Pro Pro  
 465 470 475 480  
 tcg gca aac gac tgg ggc gat gag ctg cat tat atg aac ggc aac gat 1488  
 Ser Ala Asn Asp Trp Gly Asp Glu Leu His Tyr Met Asn Gly Asn Asp  
 485 490 495  
 tac tga 1494  
 Tyr

10

20

<210> 74  
 <211> 497  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

30

<400> 74

Met Leu Val Lys Thr Leu Gly Ala Asn Phe Ala Ala Gly Gln Asn Ala  
 1 5 10 15

Lys Lys Cys Ser Cys Cys Ala Leu Leu Ile Ser Leu Leu Cys Val Leu  
 20 25 30

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

Gly Ser Ser Thr Ala Leu Ser Ser Asp Pro Asn Leu Val Leu Val Asn  
50 55 60

Lys Cys Cys Glu Lys Phe Glu Ile His Val Asp His Glu Cys Gln Gln  
65 70 75 80

Val Asn Glu Thr Asp Tyr Phe Gln Pro Met Phe Thr Ser Tyr Gly Gly  
85 90 95

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

Cys Gly Ser Met Gln Met Trp Pro Ile Tyr His Tyr Ala Gly Ser Ser  
115 120 125

Asp Lys Leu Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Leu Arg His Tyr Thr Asn  
130 135 140

Ala Glu Asn Glu Ala Glu Glu Arg His Gly Ile Gln Ser Asp Tyr Glu  
145 150 155 160

Glu Asp Ile Ala Gly Ser Leu Glu Pro Leu Tyr His Asp Tyr Asp Lys  
165 170 175

Gly Leu Tyr Cys Ile Asp Lys Ala Thr Ser Ser Thr Gly Glu Glu Asn  
180 185 190

Val Leu Phe Ala Asn Ile Cys Leu Ala Arg Lys Glu Ile Lys Trp Ser  
195 200 205

Asp Ser Asn Phe Leu Leu Arg Lys Ile Leu Asn Pro Ile Phe His Gly  
210 215 220

Ile Ser Leu Val Ile Leu Leu Val Ile Ala Ile Ile Tyr Phe Ile Leu  
225 230 235 240

Pro Thr Leu Ser Arg Asp Leu Val Gly Asn Ile Val Thr Thr Ile Ala  
245 250 255

Met Cys Leu Met Val Ser Gln Ala Ala Asp Leu Val Arg Ile Phe Thr  
260 265 270

10

20

30

Glu Leu Thr Ser His Val Ser Phe Ile Val Ala Asp Ile Ile Leu Cys  
 275 280 285  
 Phe Ser Leu Leu Ala Ala Phe Phe Trp Leu Asn Ser Phe Gly Phe Tyr  
 290 295 300  
 Ile Trp Lys Thr Phe Arg Ser Arg Asn Val Phe Leu Arg Val Thr Asp  
 305 310 315 320  
 Gly Lys Lys Tyr Cys Tyr Tyr Ser Ala Tyr Ala Trp Gly Cys Thr Ala  
 325 330 335  
 Thr Met Ala Ala Leu Ala Val Phe Ala His Phe Phe Leu Asp Ala Glu  
 340 345 350  
 Ser Tyr Lys Gln Glu His Met Val Gly Glu Gln Glu Thr Ile Gly Trp  
 355 360 365  
 Leu Gly Ile Cys Ile Phe Phe Ala Pro Ile Ala Cys Thr Ile Leu Val  
 370 375 380  
 Asn Ile Phe Phe Tyr Val Thr Thr Arg Lys Leu Ile Asn Arg Arg Thr  
 385 390 395 400  
 Val Tyr Gly Arg Ile Ala His Lys Leu Lys Ala Asn Phe Ile Met Phe  
 405 410 415  
 Ser Leu Met Leu Leu Val Met Ser Ile Ala Trp Leu Phe Leu Ile Met  
 420 425 430  
 Ser Trp Leu Gln Met Glu Gly Leu Leu Tyr Ala His Ile Val Val Asn  
 435 440 445  
 Ala Leu Gln Thr Pro Leu Leu Leu Tyr Ile Cys Val Leu Arg Gln Arg  
 450 455 460  
 His Val Thr Phe Leu Leu Lys Lys Thr Cys Cys Tyr Asn Glu Pro Pro  
 465 470 475 480  
 Ser Ala Asn Asp Trp Gly Asp Glu Leu His Tyr Met Asn Gly Asn Asp  
 485 490 495  
 Tyr

10

20

30



<210> 75  
 <211> 1800  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1800)  
 <223>

<400> 75  
 atg gca gtc aaa atg ctg ccc act aat agt tcc ggt gtc ctg gca acc 48  
 Met Ala Val Lys Met Leu Pro Thr Asn Ser Ser Gly Val Leu Ala Thr  
 1 5 10 15  
 gat cta caa ctg ttt cac aat gag aaa ttt ctc tta aat ctg aca caa 96  
 Asp Leu Gln Leu Phe His Asn Glu Lys Phe Leu Leu Asn Leu Thr Gln  
 20 25 30  
 gtg ctg aac atc tcc gcg gac aac ctg acc agc ctt ctc cag ggc ctg 144  
 Val Leu Asn Ile Ser Ala Asp Asn Leu Thr Ser Leu Leu Gln Gly Leu  
 35 40 45  
 gag ccg gag gag ctt ttg ccc acg gtg acc ccg atg aca cca ctt tca 192  
 Glu Pro Glu Glu Leu Leu Pro Thr Val Thr Pro Met Thr Pro Leu Ser  
 50 55 60  
 ctg ctg gcc acc cta agc gtg ggc tac gcc ctc ata ttt atc gcc ggc 240  
 Leu Leu Ala Thr Leu Ser Val Gly Tyr Ala Leu Ile Phe Ile Ala Gly  
 65 70 75 80  
 gtt ttg ggc aac ctc atc aca tgc att gtc att tcg cgg aac aac ttt 288  
 Val Leu Gly Asn Leu Ile Thr Cys Ile Val Ile Ser Arg Asn Asn Phe  
 85 90 95  
 atg cac acg gcc acc aac ttt tat ctg ttt aac ctc gct ata tcc gac 336  
 Met His Thr Ala Thr Asn Phe Tyr Leu Phe Asn Leu Ala Ile Ser Asp  
 100 105 110  
 atg att ttg tta tgc tca aga atg ccg cag gac ctc tat aac ctc tgg 384  
 Met Ile Leu Leu Cys Ser Arg Met Pro Gln Asp Leu Tyr Asn Leu Trp  
 115 120 125  
 cac ccg gat aat tat cct ttc agt gac agc atc tgc ata ttg gaa agc 432  
 His Pro Asp Asn Tyr Pro Phe Ser Asp Ser Ile Cys Ile Leu Glu Ser  
 130 135 140  
 gtt ctc tcg gaa acg gcg gcc aat gcg aca gtt cta acc att acc gcg 480  
 Val Leu Ser Glu Thr Ala Ala Asn Ala Thr Val Leu Thr Ile Thr Ala  
 145 150 155 160  
 ttc aca gtc gaa cga tat att gcc att tgt cat ccg ttc agg cag cac 528  
 Phe Thr Val Glu Arg Tyr Ile Ala Ile Cys His Pro Phe Arg Gln His  
 165 170 175  
 acg atg tcc aag ttg tca cgg gcc gta aag ttc ata ttt gcc atc tgg 576

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Thr | Met | Ser | Lys | Leu | Ser | Arg | Ala | Val | Lys | Phe | Ile | Phe | Ala | Ile | Trp |      |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |      |
| ata | gct | gcc | ctt | ttg | ctg | gcc | ctg | ccc | caa | gcc | att | cag | ttt | tcc | gtg | 624  |
| Ile | Ala | Ala | Leu | Leu | Leu | Ala | Leu | Pro | Gln | Ala | Ile | Gln | Phe | Ser | Val |      |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |     |     |     |      |
| gtg | atg | cag | ggc | atg | gga | aca | tcg | tgc | acg | atg | aaa | aac | gac | ttt | ttt | 672  |
| Val | Met | Gln | Gly | Met | Gly | Thr | Ser | Cys | Thr | Met | Lys | Asn | Asp | Phe | Phe |      |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |      |
| gcc | cat | gtg | ttt | gct | gtg | tcg | ggc | ttc | ctg | ttc | ttt | ggc | gga | ccc | atg | 720  |
| Ala | His | Val | Phe | Ala | Val | Ser | Gly | Phe | Leu | Phe | Phe | Gly | Gly | Pro | Met |      |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |      |
| acg | gcc | atc | tgc | gtg | ctc | tat | gtc | ctc | atc | ggg | gtg | aag | ttg | aaa | cgg | 768  |
| Thr | Ala | Ile | Cys | Val | Leu | Tyr | Val | Leu | Ile | Gly | Val | Lys | Leu | Lys | Arg |      |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |      |
| agc | cga | ctc | ctg | cag | gcg | ctt | ccc | agg | cga | tgt | tac | gat | gta | aac | cgg | 816  |
| Ser | Arg | Leu | Leu | Gln | Ala | Leu | Pro | Arg | Arg | Cys | Tyr | Asp | Val | Asn | Arg |      |
|     |     | 260 |     |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |
| ggg | ata | agc | gcc | caa | acg | cga | gtc | atc | cgg | atg | ctg | gtg | gcg | gtg | gcc | 864  |
| Gly | Ile | Ser | Ala | Gln | Thr | Arg | Val | Ile | Arg | Met | Leu | Val | Ala | Val | Ala |      |
|     | 275 |     |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
| gtg | gcc | ttc | ttc | atc | tgc | tgg | gcc | ccc | ttt | cac | gcc | cag | cgg | ctg | atg | 912  |
| Val | Ala | Phe | Phe | Ile | Cys | Trp | Ala | Pro | Phe | His | Ala | Gln | Arg | Leu | Met |      |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |
| gcg | gtc | tat | gga | tcc | acc | tcg | ggc | att | gag | tcc | cag | tgg | ttc | aac | gac | 960  |
| Ala | Val | Tyr | Gly | Ser | Thr | Ser | Gly | Ile | Glu | Ser | Gln | Trp | Phe | Asn | Asp |      |
| 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |      |
| gtg | ttc | agc | atc | ctc | gac | tat | acg | tcc | ggt | gtt | ctc | tac | ttc | ctc | tca | 1008 |
| Val | Phe | Ser | Ile | Leu | Asp | Tyr | Thr | Ser | Gly | Val | Leu | Tyr | Phe | Leu | Ser |      |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |     |      |
| act | tgc | atc | aac | ccg | ctg | ctc | tac | aac | atc | atg | agc | cac | aag | ttt | cgt | 1056 |
| Thr | Cys | Ile | Asn | Pro | Leu | Leu | Tyr | Asn | Ile | Met | Ser | His | Lys | Phe | Arg |      |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |
| gag | gct | ttt | aag | gta | act | ttg | gct | aga | cac | ttt | gga | ctt | ggt | ggc | aaa | 1104 |
| Glu | Ala | Phe | Lys | Val | Thr | Leu | Ala | Arg | His | Phe | Gly | Leu | Gly | Gly | Lys |      |
|     | 355 |     |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |
| aat | cag | gga | agg | ggg | ctt | cct | cat | act | tac | agc | gct | ctt | cga | cgt | aat | 1152 |
| Asn | Gln | Gly | Arg | Gly | Leu | Pro | His | Thr | Tyr | Ser | Ala | Leu | Arg | Arg | Asn |      |
|     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |
| caa | acg | ggt | tca | ctg | cgg | ctg | cac | aca | acg | gac | agc | gtt | cgc | acc | aca | 1200 |
| Gln | Thr | Gly | Ser | Leu | Arg | Leu | His | Thr | Thr | Asp | Ser | Val | Arg | Thr | Thr |      |
| 385 |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |      |
| atg | act | tcc | atg | gcg | acg | acc | acc | act | ggg | cta | aat | gga | tct | gcc | aat | 1248 |
| Met | Thr | Ser | Met | Ala | Thr | Thr | Thr | Thr | Gly | Leu | Asn | Gly | Ser | Ala | Asn |      |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |      |

10

20

30

ggc agt ggc aat gga acg aca acg ggt cag tgc gtg cgc ctg aac cgc 1296  
 Gly Ser Gly Asn Gly Thr Thr Thr Gly Gln Ser Val Arg Leu Asn Arg  
 420 425 430  
 gtg tcc ttg gac agt gtc cag atg cag ggt cag aat cac agc cgg caa 1344  
 Val Ser Leu Asp Ser Val Gln Met Gln Gly Gln Asn His Ser Arg Gln  
 435 440 445  
 gac ctc ttc gat aat ccg cgt cgc atg ctc cag acg caa ata tgc cag 1392  
 Asp Leu Phe Asp Asn Pro Arg Arg Met Leu Gln Thr Gln Ile Ser Gln  
 450 455 460  
 ctg tca tgc gtg ggc gat gcc cat tcc ctc ttg gag gag gat ttg cag 1440  
 Leu Ser Ser Val Gly Asp Ala His Ser Leu Leu Glu Glu Asp Leu Gln  
 465 470 475 480  
 ttt ccc ggg gag cca ctg cag cgc cag ccc acg atg tgc tcc att gac 1488  
 Phe Pro Gly Glu Pro Leu Gln Arg Gln Pro Thr Met Cys Ser Ile Asp  
 485 490 495  
 gag ctc aca gat gac ttg gcc atc tgc cgg tca cgc ctc aaa ctt acg 1536  
 Glu Leu Thr Asp Asp Leu Ala Ile Ser Arg Ser Arg Leu Lys Leu Thr  
 500 505 510  
 cgc atc act cgc cca cca gga ggt gtg acg ggg ggc gtg gca gga ggc 1584  
 Arg Ile Thr Arg Pro Pro Gly Gly Val Thr Gly Gly Val Ala Gly Gly  
 515 520 525  
 agc aaa aca gtg gcc gcg ggg tgc ggg ggc gtg agc ggt gac gag tgc 1632  
 Ser Lys Thr Val Ala Ala Gly Ser Gly Gly Val Ser Gly Asp Glu Ser  
 530 535 540  
 agt ggc aaa gtg cgc aag gcg aaa gtg aaa gtg ctc aag agc tca agc 1680  
 Ser Gly Lys Val Arg Lys Ala Lys Val Lys Val Leu Lys Ser Ser Ser  
 545 550 555 560  
 ccg ttc aag ggt ctc agg acc aaa ttc aat tgg cgt gcc aga cgc aaa 1728  
 Pro Phe Lys Gly Leu Arg Thr Lys Phe Asn Trp Arg Ala Arg Arg Lys  
 565 570 575  
 ggc agc cac aaa ccg cac gaa aag ggg gcg acg gtg aat gga ggc gac 1776  
 Gly Ser His Lys Pro His Glu Lys Gly Ala Thr Val Asn Gly Gly Asp  
 580 585 590  
 act gaa gag cgg gcc gcc ttt taa 1800  
 Thr Glu Glu Arg Ala Ala Phe  
 595

<210> 76  
 <211> 599  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 76

Met Ala Val Lys Met Leu Pro Thr Asn Ser Ser Gly Val Leu Ala Thr  
 1 5 10 15

10

20

30

Asn Leu Gln Leu Phe His Asn Glu Lys Phe Leu Leu Asn Leu Thr Gln

Val Leu Asn Ile Ser Ala Asp Asn Leu Thr Ser Leu Leu Gln Gly Leu  
35 40 45

Glu Pro Glu Glu Leu Leu Pro Thr Val Thr Pro Met Thr Pro Leu Ser  
50 55 60

Leu Leu Ala Thr Leu Ser Val Gly Tyr Ala Leu Ile Phe Ile Ala Gly  
65 70 75 80

Val Leu Gly Asn Leu Ile Thr Cys Ile Val Ile Ser Arg Asn Asn Phe  
85 90 95

Met His Thr Ala Thr Asn Phe Tyr Leu Phe Asn Leu Ala Ile Ser Asp  
100 105 110

Met Ile Leu Leu Cys Ser Arg Met Pro Gln Asp Leu Tyr Asn Leu Trp  
115 120 125

His Pro Asp Asn Tyr Pro Phe Ser Asp Ser Ile Cys Ile Leu Glu Ser  
130 135 140

Val Leu Ser Glu Thr Ala Ala Asn Ala Thr Val Leu Thr Ile Thr Ala  
145 150 155 160

Phe Thr Val Glu Arg Tyr Ile Ala Ile Cys His Pro Phe Arg Gln His  
165 170 175

Thr Met Ser Lys Leu Ser Arg Ala Val Lys Phe Ile Phe Ala Ile Trp  
180 185 190

Ile Ala Ala Leu Leu Leu Ala Leu Pro Gln Ala Ile Gln Phe Ser Val  
195 200 205

Val Met Gln Gly Met Gly Thr Ser Cys Thr Met Lys Asn Asp Phe Phe  
210 215 220

Ala His Val Phe Ala Val Ser Gly Phe Leu Phe Phe Gly Gly Pro Met  
225 230 235 240

Thr Ala Ile Cys Val Leu Tyr Val Leu Ile Gly Val Lys Leu Lys Arg  
245 250 255

10

20

30

Ser Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Arg Arg Cys Tyr Asp Val Asn Arg  
 260 265 270

Gly Ile Ser Ala Gln Thr Arg Val Ile Arg Met Leu Val Ala Val Ala  
 275 280 285

Val Ala Phe Phe Ile Cys Trp Ala Pro Phe His Ala Gln Arg Leu Met  
 290 295 300

Ala Val Tyr Gly Ser Thr Ser Gly Ile Glu Ser Gln Trp Phe Asn Asp  
 305 310 315 320

Val Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Thr Ser Gly Val Leu Tyr Phe Leu Ser  
 325 330 335

Thr Cys Ile Asn Pro Leu Leu Tyr Asn Ile Met Ser His Lys Phe Arg  
 340 345 350

Glu Ala Phe Lys Val Thr Leu Ala Arg His Phe Gly Leu Gly Gly Lys  
 355 360 365

Asn Gln Gly Arg Gly Leu Pro His Thr Tyr Ser Ala Leu Arg Arg Asn  
 370 375 380

Gln Thr Gly Ser Leu Arg Leu His Thr Thr Asp Ser Val Arg Thr Thr  
 385 390 395 400

Met Thr Ser Met Ala Thr Thr Thr Thr Gly Leu Asn Gly Ser Ala Asn  
 405 410 415

Gly Ser Gly Asn Gly Thr Thr Thr Gly Gln Ser Val Arg Leu Asn Arg  
 420 425 430

Val Ser Leu Asp Ser Val Gln Met Gln Gly Gln Asn His Ser Arg Gln  
 435 440 445

Asp Leu Phe Asp Asn Pro Arg Arg Met Leu Gln Thr Gln Ile Ser Gln  
 450 455 460

Leu Ser Ser Val Gly Asp Ala His Ser Leu Leu Glu Glu Asp Leu Gln  
 465 470 475 480

Phe Pro Gly Glu Pro Leu Gln Arg Gln Pro Thr Met Cys Ser Ile Asp

10

20

30

10

20

30

|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |
|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|-----|--|
| <400> | 77  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |
| atg   | tcc | gct | ggc | aat | atg | agc | cat | gat | ctt | gga | cgc | cct | cgc | gat | cgc |  | 48  |  |
| Met   | Ser | Ala | Gly | Asn | Met | Ser | His | Asp | Leu | Gly | Pro | Pro | Arg | Asp | Pro |  |     |  |
| 1     |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |  |     |  |
| ctg   | gcc | atc | gtg | ata | ccc | gta | acg | gta | gtc | tac | tcc | ctg | att | ttc | ata |  | 96  |  |
| Leu   | Ala | Ile | Val | Ile | Pro | Val | Thr | Val | Val | Tyr | Ser | Leu | Ile | Phe | Ile |  |     |  |
|       |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |  |     |  |
| acc   | ggt | gtg | gtt | ggc | aac | ata | agt | acc | tgc | att | gtg | att | aag | aag | aac |  | 144 |  |
| Thr   | Gly | Val | Val | Gly | Asn | Ile | Ser | Thr | Cys | Ile | Val | Ile | Lys | Lys | Asn |  |     |  |
|       |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |  |     |  |
| cgt   | tca | atg | cac | acg | gcc | acg | aat | tac | tac | ctc | ttt | tcg | ctg | gcc | atc |  | 192 |  |
| Arg   | Ser | Met | His | Thr | Ala | Thr | Asn | Tyr | Tyr | Leu | Phe | Ser | Leu | Ala | Ile |  |     |  |
|       |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |  |     |  |
| tcg   | gat | ttc | ctg | ctc | ctg | ttg | tcg | ggc | gtt | ccg | cag | gag | gtg | tcc | tac |  | 240 |  |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Ser | Asp | Phe | Leu | Leu | Leu | Leu | Ser | Gly | Val | Pro | Gln | Glu | Val | Ser | Tyr |     |  |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |     |  |
| atc | tgg | tcc | aag | tac | ccg | tac | gtg | ttt | ggg | gag | tac | atc | tgc | atc | gga | 288 |  |
| Ile | Trp | Ser | Lys | Tyr | Pro | Tyr | Val | Phe | Gly | Glu | Tyr | Ile | Cys | Ile | Gly |     |  |
|     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |  |
| cgt | ggg | ctg | ttg | gcg | gag | aca | tgc | gcg | aat | gcc | acg | gtg | cta | acg | att | 336 |  |
| Arg | Gly | Leu | Leu | Ala | Glu | Thr | Ser | Ala | Asn | Ala | Thr | Val | Leu | Thr | Ile |     |  |
|     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |     |  |
| acg | gcc | ttc | acg | gtg | gag | cgg | tat | att | gcc | att | tgc | cat | ccg | ttt | ctg | 384 |  |
| Thr | Ala | Phe | Thr | Val | Glu | Arg | Tyr | Ile | Ala | Ile | Cys | His | Pro | Phe | Leu |     |  |
|     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |     |  |
| ggc | cag | gcc | atg | agt | aaa | ctc | agt | cgc | gcc | att | cgc | atc | atc | gtc | ctg | 432 |  |
| Gly | Gln | Ala | Met | Ser | Lys | Leu | Ser | Arg | Ala | Ile | Arg | Ile | Ile | Val | Leu |     |  |
|     | 130 |     |     |     | 135 |     |     | 140 |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| gtt | tgg | att | atg | gcc | ata | gtt | acg | gcc | att | cgc | cag | gct | gcc | caa | ttt | 480 |  |
| Val | Trp | Ile | Met | Ala | Ile | Val | Thr | Ala | Ile | Pro | Gln | Ala | Ala | Gln | Phe |     |  |
| 145 |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |     |     |  |
| gga | atc | gag | cac | tat | tgc | gga | gtg | gag | caa | tgc | ggc | ata | gtg | cgg | gtc | 528 |  |
| Gly | Ile | Glu | His | Tyr | Ser | Gly | Val | Glu | Gln | Cys | Gly | Ile | Val | Arg | Val |     |  |
|     |     |     | 165 |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |     |     |     |  |
| ata | gtg | aag | cac | tca | ttc | cag | ctg | tcc | acg | ttc | ata | ttc | ttc | ctg | gct | 576 |  |
| Ile | Val | Lys | His | Ser | Phe | Gln | Leu | Ser | Thr | Phe | Ile | Phe | Phe | Leu | Ala |     |  |
|     |     | 180 |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |     |     |     |  |
| ccg | atg | tct | att | atc | cta | gtg | ttg | tac | cta | ctt | atc | ggg | gtg | cac | ctg | 624 |  |
| Pro | Met | Ser | Ile | Ile | Leu | Val | Leu | Tyr | Leu | Leu | Ile | Gly | Val | His | Leu |     |  |
|     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| tat | cga | tcc | act | ttg | gtg | gag | ggg | cct | gcc | tgc | gtt | gcc | aga | cgg | cag | 672 |  |
| Tyr | Arg | Ser | Thr | Leu | Val | Glu | Gly | Pro | Ala | Ser | Val | Ala | Arg | Arg | Gln |     |  |
|     | 210 |     |     |     | 215 |     |     | 220 |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| cag | ctg | aag | agt | gtg | ccc | agt | gat | acg | atc | cta | tat | cgc | tat | ggg | gga | 720 |  |
| Gln | Leu | Lys | Ser | Val | Pro | Ser | Asp | Thr | Ile | Leu | Tyr | Arg | Tyr | Gly | Gly |     |  |
| 225 |     |     |     | 230 |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |     |     |  |
| tcc | ggg | acc | gct | atg | agt | ttc | aac | ggc | gga | gga | agt | gga | gca | ggg | aca | 768 |  |
| Ser | Gly | Thr | Ala | Met | Ser | Phe | Asn | Gly | Gly | Gly | Ser | Gly | Ala | Gly | Thr |     |  |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |     |  |
| gcg | ggc | ttg | atg | ggc | ggc | tgc | ggg | gct | caa | ctt | agc | tgc | gtg | aga | ggg | 816 |  |
| Ala | Gly | Leu | Met | Gly | Gly | Ser | Gly | Ala | Gln | Leu | Ser | Ser | Val | Arg | Gly |     |  |
|     |     | 260 |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     |     | 270 |     |     |     |  |
| cgg | ctc | aat | cac | tat | ggc | acc | cgg | cga | gta | ctc | agg | atg | cta | gtg | gcc | 864 |  |
| Arg | Leu | Asn | His | Tyr | Gly | Thr | Arg | Arg | Val | Leu | Arg | Met | Leu | Val | Ala |     |  |
|     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |  |
| gtg | gtg | gtg | tgc | ttc | ttc | ctc | tgc | tgg | gcc | ccc | ttc | cac | gcc | cag | cga | 912 |  |
| Val | Val | Val | Cys | Phe | Phe | Leu | Cys | Trp | Ala | Pro | Phe | His | Ala | Gln | Arg |     |  |
|     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |  |

10

20

30

ctg att gcc atc tac gcc cct gca cgg ggg gcc aaa ctg cgg gat cag 960  
 Leu Ile Ala Ile Tyr Ala Pro Ala Arg Gly Ala Lys Leu Arg Asp Gln 320  
 305 310 315  
 cac gag ttt gtc tac acg gtg atg acc tat gtc tcc ggt gtc ctc tac 1008  
 His Glu Phe Val Tyr Thr Val Met Thr Tyr Val Ser Gly Val Leu Tyr 335  
 325 330  
 tac ttg tcc acc tgc atc aac ccg ctg tta tat aac att atg agc cac 1056  
 Tyr Leu Ser Thr Cys Ile Asn Pro Leu Leu Tyr Asn Ile Met Ser His 350  
 340 345  
 aag ttc cga gag gca ttc aag gcc gtt ctg ttt ggc aag aag gta tcg 1104  
 Lys Phe Arg Glu Ala Phe Lys Ala Val Leu Phe Gly Lys Lys Val Ser 365  
 355 360  
 atg ggt tcg ctg aac tcg cga aac aac atc gaa tca cgc cgc ctg agg 1152  
 Met Gly Ser Leu Asn Ser Arg Asn Asn Ile Glu Ser Arg Arg Leu Arg 380  
 370 375  
 agg gca cta acc aat tcc agt caa acg cag cgc ttc tcc att gag tcg 1200  
 Arg Ala Leu Thr Asn Ser Ser Gln Thr Gln Arg Phe Ser Ile Glu Ser 400  
 385 390 395  
 gcg gag cag ccg aaa ccg tcg ata atg cag aat ccg acg aac aag ccg 1248  
 Ala Glu Gln Pro Lys Pro Ser Ile Met Gln Asn Pro Thr Asn Lys Pro 415  
 405 410  
 cca gtc gcc gct cag tac gcc atg atc ggt gtc caa gtc aac taa 1293  
 Pro Val Ala Ala Gln Tyr Ala Met Ile Gly Val Gln Val Asn 430  
 420 425

10

<210> 78  
 <211> 430  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

20

<400> 78

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

30



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

10

20

30

His Glu Phe Val Tyr Thr Val Met Thr Tyr Val Ser Gly Val Leu Tyr  
325 330 335

Tyr Leu Ser Thr Cys Ile Asn Pro Leu Leu Tyr Asn Ile Met Ser His  
340 345 350

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

Met Gly Ser Leu Asn Ser Arg Asn Asn Ile Glu Ser Arg Arg Leu Arg  
370 375 380

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

Ala Glu Gln Pro Lys Pro Ser Ile Met Gln Asn Pro Thr Asn Lys Pro  
405 410 415

Pro Val Ala Ala Gln Tyr Ala Met Ile Gly Val Gln Val Asn  
420 425 430

<210> 79  
<211> 1491  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1491)  
<223>

<400> 79  
atg tac aca cca cac cca ttt ggt ttc cta atc atc ctc gtt cca atg 48  
Met Tyr Thr Pro His Pro Phe Gly Phe Leu Ile Ile Leu Val Pro Met  
1 5 10 15  
aca aat gca atg cgg gcg att gct gca atc gca gca gga gtg ggt tca 96  
Thr Asn Ala Met Arg Ala Ile Ala Ala Ile Ala Ala Gly Val Gly Ser  
20 25 30  
gtg gcc gcc acg gtc gca acc agc acc acc agt tcc atc agc agc agc 144  
Val Ala Ala Thr Val Ala Thr Ser Thr Thr Ser Ser Ile Ser Ser Ser  
35 40 45  
acc acc atc atc aac acc agt agc gcc act acc atc ggc ggg aat cac 192  
Thr Thr Ile Ile Asn Thr Ser Ser Ala Thr Thr Ile Gly Gly Asn His  
50 55 60  
acc agt ggg agc acc gga ttc tcc acg aat tcc acg ctg ctg gac gcc 240  
Thr Ser Gly Ser Thr Gly Phe Ser Thr Asn Ser Thr Leu Leu Asp Ala

10

20

30

| 65                                                                                                                                                    | 70 | 75 | 80 |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----|----|-----|
| gat cat ctg ccg ctg cag ctc acg acc gcc aag gtg gac ctg gac att<br>Asp His Leu Pro Leu Gln Leu Thr Thr Ala Lys Val Asp Leu Asp Ile<br>85 90 95        |    |    |    | 288 |
| gaa atc gac atc caa ctg ctg aca aat ggc tac gat ggc aca acg ttg<br>Glu Ile Asp Phe Ile Gln Leu Leu Thr Asn Gly Tyr Asp Gly Thr Thr Leu<br>100 105 110 |    |    |    | 336 |
| aca tcg ttc tac aat gag agc agc tgg aca aat gcg tct gaa atg gat<br>Thr Ser Phe Tyr Asn Glu Ser Ser Trp Thr Asn Ala Ser Glu Met Asp<br>115 120 125     |    |    |    | 384 |
| aca ata gtt ggc atc ttc cta tcg gtg ctg ata ttc ctt tcg gtg gcc<br>Thr Ile Val Gly Ile Phe Leu Ser Val Leu Ile Phe Leu Ser Val Ala<br>130 135 140     |    |    |    | 432 |
| gga aac atc ctg gtg tgc ctg gcc atc tac acg gag cgc agc ctg cgc<br>Gly Asn Ile Leu Val Cys Leu Ala Ile Tyr Thr Glu Arg Ser Leu Arg<br>145 150 155 160 |    |    |    | 480 |
| cgg atc ggc aat ctg ttc ctg gcc tcg tta gcg att gcg gat ctc ttc<br>Arg Ile Gly Asn Leu Phe Leu Ala Ser Leu Ala Ile Ala Asp Leu Phe<br>165 170 175     |    |    |    | 528 |
| gtg gcc tcg ctg gtg atg acc ttt gcc ggt gtc aac gat ttg ctg gga<br>Val Ala Ser Leu Val Met Thr Phe Ala Gly Val Asn Asp Leu Leu Gly<br>180 185 190     |    |    |    | 576 |
| tat tgg atc ttt gga gcg caa ttt tgt gat act tgg gtg gcc ttt gat<br>Tyr Trp Ile Phe Gly Ala Gln Phe Cys Asp Thr Trp Val Ala Phe Asp<br>195 200 205     |    |    |    | 624 |
| gtc atg tgc tcg acg gcg tca att ctg aac ctg tgc gcc atc tcg atg<br>Val Met Cys Ser Thr Ala Ser Ile Leu Asn Leu Cys Ala Ile Ser Met<br>210 215 220     |    |    |    | 672 |
| gac cgc tac att cac atc aag gat ccg ctc aga tac ggc cgt tgg gtg<br>Asp Arg Tyr Ile His Ile Lys Asp Pro Leu Arg Tyr Gly Arg Trp Val<br>225 230 235 240 |    |    |    | 720 |
| aca cga cgc gtg gct gtc atc acc atc gcc gcc att tgg ctg ctg gcc<br>Thr Arg Arg Val Ala Val Ile Thr Ile Ala Ala Ile Trp Leu Leu Ala<br>245 250 255     |    |    |    | 768 |
| gcg ttc gtc tcc ttt gtg ccc atc tcg ttg ggc atc cat cgg ccc gac<br>Ala Phe Val Ser Phe Val Pro Ile Ser Leu Gly Ile His Arg Pro Asp<br>260 265 270     |    |    |    | 816 |
| cag ccg ctg att ttc gag gac aat ggc aaa aag tat cca aca tgc gct<br>Gln Pro Leu Ile Phe Glu Asp Asn Gly Lys Lys Tyr Pro Thr Cys Ala<br>275 280 285     |    |    |    | 864 |
| ctg gac ctg acg ccc acc tac gcc gtc gtg tcc agc tgt atc agt ttc<br>Leu Asp Leu Thr Pro Thr Tyr Ala Val Val Ser Ser Cys Ile Ser Phe<br>290 295 300     |    |    |    | 912 |
| tac ttc ccc tgc gtg gtc atg att ggc atc tac tgt cgg cta tac tgc                                                                                       |    |    |    | 960 |

10

20

30

Tyr Phe Pro Cys Val Val Met Ile Gly Ile Tyr Cys Arg Leu Tyr Cys  
 305 310 315 320  
 tat gcc cag aag cac gtg aag tcc atc aag gcg gta act cga cca ggt 1008  
 Tyr Ala Gln Lys His Val Lys Ser Ile Lys Ala Val Thr Arg Pro Gly  
 325 330 335  
 gag gtg gcc gag aag cag cgg tac aag agc atc cgg cgc ccg aag aac 1056  
 Glu Val Ala Glu Lys Gln Arg Tyr Lys Ser Ile Arg Arg Pro Lys Asn  
 340 345 350  
 cag ccc aag aag ttc aag gtg cgc aat ctg cac acc cac agt tcg ccg 1104  
 Gln Pro Lys Lys Phe Lys Val Arg Asn Leu His Thr His Ser Ser Pro  
 355 360 365  
 tat cac gta tcc gac cac aag gcg gcc gtc acg gtg ggc gtg atc atg 1152  
 Tyr His Val Ser Asp His Lys Ala Ala Val Thr Val Gly Val Ile Met  
 370 375 380  
 ggc gtt ttt ctc atc tgc tgg gtg ccc ttc ttc tgc gtc aac atc acg 1200  
 Gly Val Phe Leu Ile Cys Trp Val Pro Phe Phe Cys Val Asn Ile Thr  
 385 390 395 400  
 gcc gcc ttc tgc aag acc tgc atc gcc gga cag acc ttc aag atc ctc 1248  
 Ala Ala Phe Cys Lys Thr Cys Ile Gly Gly Gln Thr Phe Lys Ile Leu  
 405 410 415  
 acc tgg ctg gcc tac tcg aac tcg gcc ttc aat ccg atc atc tat tcg 1296  
 Thr Trp Leu Gly Tyr Ser Asn Ser Ala Phe Asn Pro Ile Ile Tyr Ser  
 420 425 430  
 atc ttc aac aag gag ttt cgc gac gcc ttc aag cgc atc ctg acc atg 1344  
 Ile Phe Asn Lys Glu Phe Arg Asp Ala Phe Lys Arg Ile Leu Thr Met  
 435 440 445  
 cgc aat ccg tgg tgt tgt gcc cag gat gtg gcc aac att cat ccg cgg 1392  
 Arg Asn Pro Trp Cys Cys Ala Gln Asp Val Gly Asn Ile His Pro Arg  
 450 455 460  
 aac agc gat cgc ttc atc acg gac tat gcc gcc aag aat gtg gtg gtg 1440  
 Asn Ser Asp Arg Phe Ile Thr Asp Tyr Ala Ala Lys Asn Val Val Val  
 465 470 475 480  
 atg aac tcg gcc cgc tcg agc gcc gaa ctg gag cag gtg tct gcg att 1488  
 Met Asn Ser Gly Arg Ser Ser Ala Glu Leu Glu Gln Val Ser Ala Ile  
 485 490 495  
 tga 1491  
 <210> 80  
 <211> 496  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster  
 <400> 80  
 Met Tyr Thr Pro His Pro Phe Gly Phe Leu Ile Ile Leu Val Pro Met  
 1 5 10 15

10

20

30

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

10

20

30

| 245                                                                                | 250 | 255 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Ala Phe Val Ser Phe Val Pro Ile Ser Leu Gly Ile His Arg Pro Asp<br>260 265 270     |     |     |
| Gln Pro Leu Ile Phe Glu Asp Asn Gly Lys Lys Tyr Pro Thr Cys Ala<br>275 280 285     |     |     |
| Leu Asp Leu Thr Pro Thr Tyr Ala Val Val Ser Ser Cys Ile Ser Phe<br>290 295 300     |     |     |
| Tyr Phe Pro Cys Val Val Met Ile Gly Ile Tyr Cys Arg Leu Tyr Cys<br>305 310 315 320 |     | 10  |
| Tyr Ala Gln Lys His Val Lys Ser Ile Lys Ala Val Thr Arg Pro Gly<br>325 330 335     |     |     |
| Glu Val Ala Glu Lys Gln Arg Tyr Lys Ser Ile Arg Arg Pro Lys Asn<br>340 345 350     |     |     |
| Gln Pro Lys Lys Phe Lys Val Arg Asn Leu His Thr His Ser Ser Pro<br>355 360 365     |     |     |
| Tyr His Val Ser Asp His Lys Ala Ala Val Thr Val Gly Val Ile Met<br>370 375 380     |     | 20  |
| Gly Val Phe Leu Ile Cys Trp Val Pro Phe Phe Cys Val Asn Ile Thr<br>385 390 395 400 |     |     |
| Ala Ala Phe Cys Lys Thr Cys Ile Gly Gly Gln Thr Phe Lys Ile Leu<br>405 410 415     |     |     |
| Thr Trp Leu Gly Tyr Ser Asn Ser Ala Phe Asn Pro Ile Ile Tyr Ser<br>420 425 430     |     |     |
| Ile Phe Asn Lys Glu Phe Arg Asp Ala Phe Lys Arg Ile Leu Thr Met<br>435 440 445     |     | 30  |
| Arg Asn Pro Trp Cys Cys Ala Gln Asp Val Gly Asn Ile His Pro Arg<br>450 455 460     |     |     |
| Asn Ser Asp Arg Phe Ile Thr Asp Tyr Ala Ala Lys Asn Val Val Val<br>465 470 475 480 |     |     |

Met Asn Ser Gly Arg Ser Ser Ala Glu Leu Glu Gln Val Ser Ala Ile  
 485 490 495

<210> 81  
 <211> 1756  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1755)  
 <223>

<400> 81  
 atg gcg gcg ttg gaa cat ccg gat gcc atg ctg cca tac tcc aaa ttg 48 10  
 Met Ala Ala Leu Glu His Pro Asp Ala Met Leu Pro Tyr Ser Lys Leu  
 1 5 10 15  
 ttg tca aca gcc ctg act gtg gcc agt ggt aac tcg aac tcc tcc gat 96  
 Leu Ser Thr Ala Leu Thr Val Ala Ser Gly Asn Ser Asn Ser Ser Asp  
 20 25 30  
 ggc act ttg ctg ctg atc cag acc agt gcg gca cca ggt ggc gat gtg 144  
 Gly Thr Leu Leu Leu Ile Gln Thr Ser Ala Ala Pro Gly Gly Asp Val  
 35 40 45  
 atg gcc acc gga gcc gga gcc gga aag ttg ggt gtg ccc tcg atg aac 192  
 Met Ala Thr Gly Ala Gly Ala Gly Lys Leu Gly Val Pro Ser Met Asn  
 50 55 60  
 tcg tac ctg gtg agc atg gcg tgg ccc aag tcg ctg gca gtg gcc gtc 240 20  
 Ser Tyr Leu Val Ser Met Ala Trp Pro Lys Ser Leu Ala Val Ala Val  
 65 70 75 80  
 ttt ctg gtc atc atc ctg gtc acc gtg gtt ggc aac aca ctc gtc atc 288  
 Phe Leu Val Ile Ile Leu Val Thr Val Val Gly Asn Thr Leu Val Ile  
 85 90 95  
 ctc gcc gtt ctg acc aca cgc cgc ctg cgc acc gta acc aac tgt ttc 336  
 Leu Ala Val Leu Thr Thr Arg Arg Leu Arg Thr Val Thr Asn Cys Phe  
 100 105 110  
 gtg atg aac ttg gcc atc acc gac tgg ctg gtc ggc acc tgc gtg atg 384  
 Val Met Asn Leu Ala Ile Thr Asp Trp Leu Val Gly Thr Cys Val Met  
 115 120 125  
 cct cca tcg gtg gtg ctc tac ata aca ggc act tgg cgc ttt ggc tgg 432 30  
 Pro Pro Ser Val Val Leu Tyr Ile Thr Gly Thr Trp Arg Phe Gly Trp  
 130 135 140  
 ata ctg tgc gac att tgg atc tcg ctg gac atc ctg ctc tgc agc ggc 480  
 Ile Leu Cys Asp Ile Trp Ile Ser Leu Asp Ile Leu Leu Cys Ser Gly  
 145 150 155 160  
 tcc atc ctc agc ctg tgc gcc atc agt ctg gac agg tat ctc gcc gtc 528  
 Ser Ile Leu Ser Leu Cys Ala Ile Ser Leu Asp Arg Tyr Leu Ala Val  
 165 170 175

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| aca caa cca ctg acg tac tcc aag aag cgc cga tcc aag cga ctg gcc | 576  |
| Thr Gln Pro Leu Thr Tyr Ser Lys Lys Arg Arg Ser Lys Arg Leu Ala |      |
| 180 185 190                                                     |      |
| ctc ctc atg att ctc gtc gtg tgg ata act gcc ctg tca atc aca tgt | 624  |
| Leu Leu Met Ile Leu Val Val Trp Ile Thr Ala Leu Ser Ile Thr Cys |      |
| 195 200 205                                                     |      |
| cca ccc tat ttg ggc tgg tac gag gtc ggt cgg cac cag gcg gag ttc | 672  |
| Pro Pro Tyr Leu Gly Trp Tyr Glu Val Gly Arg His Gln Ala Glu Phe |      |
| 210 215 220                                                     |      |
| gtg gac tgc cgc tac aac caa aac aag ggc tac gtg gtc ttc tcg gcg | 720  |
| Val Asp Cys Arg Tyr Asn Gln Asn Lys Gly Tyr Val Val Phe Ser Ala |      |
| 225 230 235 240                                                 |      |
| atg gga tcg ttc ttc att ccc ctc acc gtg atg ctc tac gtt tac gtg | 768  |
| Met Gly Ser Phe Ile Pro Leu Thr Val Met Leu Tyr Val Tyr Val     |      |
| 245 250 255                                                     |      |
| aag att ggt tat gtc ctc acg tca cgg cga cag cgc att gtg cgc gat | 816  |
| Lys Ile Gly Tyr Val Leu Thr Ser Arg Arg Gln Arg Ile Val Arg Asp |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| gcg tac tcg gag cgc acg gca gac tac gat gtg gat ggg gac aac ttc | 864  |
| Ala Tyr Ser Glu Arg Thr Ala Asp Tyr Asp Val Asp Gly Asp Asn Phe |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| atc tcg gag tcg gag cac tat cat tgc acg cca acc aag tgg ctg ccg | 912  |
| Ile Ser Glu Ser Glu His Tyr His Cys Thr Pro Thr Lys Trp Leu Pro |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| aac agg aag tcc cgc tgg agg ttc aac tcc ctg cac gac cca cca ccc | 960  |
| Asn Arg Lys Ser Arg Trp Arg Phe Asn Ser Leu His Asp Pro Pro Pro |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| agc gcc gcc acg aat gca gca gcg aag gga cac cag tcg tcc gtc aag | 1008 |
| Ser Ala Ala Thr Asn Ala Ala Lys Gly His Gln Ser Ser Val Lys     |      |
| 325 330 335                                                     |      |
| tgc tcc aag tgc tcc aag tgc tcc tct gcc act gga act gct gga gct | 1056 |
| Cys Ser Lys Cys Ser Lys Cys Ser Ser Ala Thr Gly Thr Ala Gly Ala |      |
| 340 345 350                                                     |      |
| gga gct gga gct ggt gtg gta gac aaa acg ctg acg ttc aaa cat cag | 1104 |
| Gly Ala Gly Ala Gly Val Val Asp Lys Thr Leu Thr Phe Lys His Gln |      |
| 355 360 365                                                     |      |
| ccc acc ttt tac gag ctg gtc gag gtg tcg cgt ctc tcg tcg ctc att | 1152 |
| Pro Thr Phe Tyr Glu Leu Val Glu Val Ser Arg Leu Ser Ser Leu Ile |      |
| 370 375 380                                                     |      |
| cac tgc tcg gca att agc tgc aag tat gga gga ccc tgc atg cac tcc | 1200 |
| His Cys Ser Ala Ile Ser Cys Lys Tyr Gly Gly Pro Cys Met His Ser |      |
| 385 390 395 400                                                 |      |
| acg ccc tcg ggc atg cac tac gtt ggc acg gag gcc tcc ttc tcg gac | 1248 |
| Thr Pro Ser Gly Met His Tyr Val Gly Thr Glu Ala Ser Phe Ser Asp |      |
| 405 410 415                                                     |      |

10

20

30



acc tgc ctg ggt ggc aat gtg agc aac aac acc gcc acc acc aac aac 1296  
 Thr Cys Leu Gly Gly Asn Val Ser Asn Asn Thr Ala Thr Thr Asn Asn  
 420 425 430

acc gtc gca ctg gaa acc aac gag aaa ctg gag gcg gag gcc aag caa 1344  
 Thr Val Ala Leu Glu Thr Asn Glu Lys Leu Glu Ala Glu Ala Lys Gln  
 435 440 445

aag caa cag cag caa cga tcc tcc ttc gac cac cat cac ccg cat gca 1392  
 Lys Gln Gln Gln Gln Arg Ser Ser Phe Asp His His His Pro His Ala  
 450 455 460

cac cat cat ggc tcc cat ggc cag cag agc cat cac aat cat cac cat 1440  
 His His His Gly Ser His Gly Gln Gln Ser His His Asn His His His  
 465 470 475 480

cgc atg ccg atg cga gtt tgc acc acg aaa cgt gat agc aag acc gcc 1488  
 Arg Met Pro Met Arg Val Ser Thr Thr Lys Arg Asp Ser Lys Thr Ala  
 485 490 495

aag acc ctg act att gtg atg ggc ggc cta att gct tgc tgg ctg ccc 1536  
 Lys Thr Leu Thr Ile Val Met Gly Gly Leu Ile Ala Cys Trp Leu Pro  
 500 505 510

ttc ttc gtc tat tat ctg ctg ata ccc ttc ctg ccg cga ccc gcc gtc 1584  
 Phe Phe Val Tyr Tyr Leu Leu Ile Pro Phe Leu Pro Arg Pro Ala Val  
 515 520 525

ctc gag gac ctc atg ttc ggc ttc acc tgg att ggc tgg gtc aac tgc 1632  
 Leu Glu Asp Leu Met Phe Gly Phe Thr Trp Ile Gly Trp Val Asn Cys  
 530 535 540

gcc atc aac ccg ttc atc tac gcc ttc tac aat ccg gac ttt cgc act 1680  
 Ala Ile Asn Pro Phe Ile Tyr Ala Phe Tyr Asn Pro Asp Phe Arg Thr  
 545 550 555 560

gcc ttc tgg cgg ctc acc tgt cgc ccc att tgc aag cag aag cgt ccg 1728  
 Ala Phe Trp Arg Leu Thr Cys Arg Pro Ile Cys Lys Gln Lys Arg Pro  
 565 570 575

ccc aac cac ctg gcc atg ttc cgt ggc t 1756  
 Pro Asn His Leu Ala Met Phe Arg Gly  
 580 585

<210> 82  
 <211> 585  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 82

Met Ala Ala Leu Glu His Pro Asp Ala Met Leu Pro Tyr Ser Lys Leu  
 1 5 10 15

Leu Ser Thr Ala Leu Thr Val Ala Ser Gly Asn Ser Asn Ser Ser Asp  
 20 25 30

10

20

30

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

10

20

30

| 260                                                                                | 265 | 270 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Ala Tyr Ser Glu Arg Thr Ala Asp Tyr Asp Val Asp Gly Asp Asn Phe<br>275 280 285     |     |     |
| Ile Ser Glu Ser Glu His Tyr His Cys Thr Pro Thr Lys Trp Leu Pro<br>290 295 300     |     |     |
| Asn Arg Lys Ser Arg Trp Arg Phe Asn Ser Leu His Asp Pro Pro Pro<br>305 310 315 320 |     |     |
| Ser Ala Ala Thr Asn Ala Ala Ala Lys Gly His Gln Ser Ser Val Lys<br>325 330 335     |     |     |
| Cys Ser Lys Cys Ser Lys Cys Ser Ser Ala Thr Gly Thr Ala Gly Ala<br>340 345 350     |     |     |
| Gly Ala Gly Ala Gly Val Val Asp Lys Thr Leu Thr Phe Lys His Gln<br>355 360 365     |     |     |
| Pro Thr Phe Tyr Glu Leu Val Glu Val Ser Arg Leu Ser Ser Leu Ile<br>370 375 380     |     |     |
| His Cys Ser Ala Ile Ser Cys Lys Tyr Gly Gly Pro Cys Met His Ser<br>385 390 395 400 |     |     |
| Thr Pro Ser Gly Met His Tyr Val Gly Thr Glu Ala Ser Phe Ser Asp<br>405 410 415     |     |     |
| Thr Cys Leu Gly Gly Asn Val Ser Asn Asn Thr Ala Thr Thr Asn Asn<br>420 425 430     |     |     |
| Thr Val Ala Leu Glu Thr Asn Glu Lys Leu Glu Ala Glu Ala Lys Gln<br>435 440 445     |     |     |
| Lys Gln Gln Gln Gln Arg Ser Ser Phe Asp His His His Pro His Ala<br>450 455 460     |     |     |
| His His His Gly Ser His Gly Gln Gln Ser His His Asn His His His<br>465 470 475 480 |     |     |
| Arg Met Pro Met Arg Val Ser Thr Thr Lys Arg Asp Ser Lys Thr Ala<br>485 490 495     |     |     |

10

20

30

Lys Thr Leu Thr Ile Val Met Gly Gly Leu Ile Ala Cys Trp Leu Pro  
500 505 510

Phe Phe Val Tyr Tyr Leu Leu Ile Pro Phe Leu Pro Arg Pro Ala Val  
515 520 525

Leu Glu Asp Leu Met Phe Gly Phe Thr Trp Ile Gly Trp Val Asn Cys  
530 535 540

Ala Ile Asn Pro Phe Ile Tyr Ala Phe Tyr Asn Pro Asp Phe Arg Thr  
545 550 555 560

Ala Phe Trp Arg Leu Thr Cys Arg Pro Ile Cys Lys Gln Lys Arg Pro  
565 570 575

Pro Asn His Leu Ala Met Phe Arg Gly  
580 585

<210> 83  
<211> 2298  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2298)  
<223>

<400> 83  
atg gtc tac ggc agg agc atc gcc gta ggc ttc tgt ctg atg acc gtc 48  
Met Val Tyr Gly Arg Ser Ile Ala Val Gly Phe Cys Leu Met Thr Val  
1 5 10 15  
gtc ctt ctg ctg gcc gcc gtg ata ttc tac ttg agt ttg gga ccc tgc 96  
Val Leu Leu Leu Ala Ala Val Ile Phe Tyr Leu Ser Leu Gly Pro Cys  
20 25 30  
ccc gcg gcc agc ttc gcc tgc gac aac ggc acg ctg tgc gtt oca agg 144  
Pro Ala Ala Ser Phe Ala Cys Asp Asn Gly Thr Leu Cys Val Pro Arg  
35 40 45  
cgc cag atg tgc gac agt cgg aac gat tgc gcc gac agc agc gac gag 192  
Arg Gln Met Cys Asp Ser Arg Asn Asp Cys Ala Asp Ser Ser Asp Glu  
50 55 60  
aat ccg gtg gag tgc ggt ctc ctc tac ggc agc aag gag att gcc gac 240  
Asn Pro Val Glu Cys Gly Leu Leu Tyr Gly Ser Lys Glu Ile Ala Asp  
65 70 75 80  
aag att gtc cgt aat gcg att gaa aag aag caa cag cgc cta atc tcc 288  
Lys Ile Val Arg Asn Ala Ile Glu Lys Lys Gln Gln Arg Leu Ile Ser  
85 90 95

10

20

30

gcc gtt tca aat gcg agc ggt gcg gat tca acg acg tcg atg gtg cca 336  
Ala Val Ser Asn Ala Ser Gly Ala Asp Ser Thr Thr Ser Met Val Pro  
100 105 110

agg aat cag agc cta act tta aac atg act tgt gat atc gtc aca tat 384  
Arg Asn Gln Ser Leu Thr Leu Asn Met Thr Cys Asp Ile Val Thr Tyr  
115 120 125

ccg aag gcc tgt cag tgc ggc cag gga aca atc ctc tac tgc ggt cgc 432  
Pro Lys Ala Cys Gln Cys Gly Gln Gly Thr Ile Leu Tyr Cys Gly Arg  
130 135 140

tat gcc aaa ttg cgg cga ttt ccg cgt ctc agt tcg gag gtc acc aat 480  
Tyr Ala Lys Leu Arg Arg Phe Pro Arg Leu Ser Ser Glu Val Thr Asn  
145 150 155 160

ctg atc atc atc cgc aac aat ctg acc ctg cgc gac aat atc ttt gcc 528  
Leu Ile Ile Ile Arg Asn Asn Leu Thr Leu Arg Asp Asn Ile Phe Ala  
165 170 175

aat ttc acg cgt ctg cag aag ctg acg ctt aag tac aac aac ata tca 576  
Asn Phe Thr Arg Leu Gln Lys Leu Thr Leu Lys Tyr Asn Asn Ile Ser  
180 185 190

cgt gtc ccg ctg ggc agc ttc agt ggc ctc ttt cac ctg gaa cgc ctg 624  
Arg Val Pro Leu Gly Ser Phe Ser Gly Leu Phe His Leu Glu Arg Leu  
195 200 205

gag ctg agc cac aac aac gtt agc cac ctg ccg cac ggt gtc ttc ctg 672  
Glu Leu Ser His Asn Asn Val Ser His Leu Pro His Gly Val Phe Leu  
210 215 220

ggg ctg cac agc ctc cag tgg ctg ttc ttg gtc aat aac cat ctg cac 720  
Gly Leu His Ser Leu Gln Trp Leu Phe Leu Val Asn Asn His Leu His  
225 230 235 240

cac ctg ccc gtg gag caa ctg cga ttc ttt aga cga ttg gag tgg ctg 768  
His Leu Pro Val Glu Gln Leu Arg Phe Phe Arg Arg Leu Glu Trp Leu  
245 250 255

gtg ctg agc agg aat cgt ctc aca ctg cga aat gtg cag ctg ccg aaa 816  
Val Leu Ser Arg Asn Arg Leu Thr Leu Arg Asn Val Gln Leu Pro Lys  
260 265 270

atc ccg acg ctc tac gaa gtt tat ttg gat ttc aat cga atc gaa tac 864  
Ile Pro Thr Leu Tyr Glu Val Tyr Leu Asp Phe Asn Arg Ile Glu Tyr  
275 280 285

att ggc gag gaa act ttt tcc caa ttg gat aat tta cat ttg ctg gat 912  
Ile Gly Glu Glu Thr Phe Ser Gln Leu Asp Asn Leu His Leu Leu Asp  
290 295 300

ctg cag cac aac ctc ata acg cac atc cat gga cga gcc ttt gcg aat 960  
Leu Gln His Asn Leu Ile Thr His Ile His Gly Arg Ala Phe Ala Asn  
305 310 315 320

cta aca aat atg cga gat atc cgc ctt gtc ggt aat ccc att aag gag 1008  
Leu Thr Asn Met Arg Asp Ile Arg Leu Val Gly Asn Pro Ile Lys Glu  
325 330 335

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tta tct ggc gaa aca ttt ttg cac aac act cga ctg gag gca ctt tcg<br>Leu Ser Gly Glu Thr Phe Leu His Asn Thr Arg Leu Glu Ala Leu Ser<br>340 345 350     | 1056 |
| ttg gcc cta atg ccg att cac atc agc agc agt tta atg gag cca ctg<br>Leu Ala Leu Met Pro Ile His Ile Ser Ser Ser Leu Met Glu Pro Leu<br>355 360 365     | 1104 |
| aat ata tcg ttt ttg aat ctc acg gga att cgg tat gat cac atc gac<br>Asn Ile Ser Phe Leu Asn Leu Thr Gly Ile Arg Tyr Asp His Ile Asp<br>370 375 380     | 1152 |
| ttc gag gcc atc aat tca atg cgc aac ctg acg tac atc atc tac gat<br>Phe Glu Ala Ile Asn Ser Met Arg Asn Leu Thr Tyr Ile Ile Tyr Asp<br>385 390 395 400 | 1200 |
| cga ttc ttc tac tgc tca atg acg cgg cgg gtg aga atg tgc aag cgg<br>Arg Phe Phe Tyr Cys Ser Met Thr Pro Arg Val Arg Met Cys Lys Pro<br>405 410 415     | 1248 |
| tcc acc gat gga gtc agc tcc ttt caa gat ctt ctg agc aaa cca gtg<br>Ser Thr Asp Gly Val Ser Ser Phe Gln Asp Leu Leu Ser Lys Pro Val<br>420 425 430     | 1296 |
| tta cgt tac tcc gcc tgg gtg atg gcc acg ttg aca ata gct gga aat<br>Leu Arg Tyr Ser Ala Trp Val Met Ala Thr Leu Thr Ile Ala Gly Asn<br>435 440 445     | 1344 |
| gtg cta gtc cta tgg gga cgc ttt atc tac cgc gat gag aat gtg gct<br>Val Leu Val Leu Trp Gly Arg Phe Ile Tyr Arg Asp Glu Asn Val Ala<br>450 455 460     | 1392 |
| gtg aca atg gtg att cgg aat ctg gct ctg gct gat atg ctg atg ggc<br>Val Thr Met Val Ile Arg Asn Leu Ala Leu Ala Asp Met Leu Met Gly<br>465 470 475 480 | 1440 |
| ttc tat ttg gtc acc att gga gtg cag gac tat cgc tac cgc aac gag<br>Phe Tyr Leu Val Thr Ile Gly Val Gln Asp Tyr Arg Tyr Arg Asn Glu<br>485 490 495     | 1488 |
| tat tac aag gtt gtg ctg gac tgg ata acc tcg tgg cag tgc aca ctg<br>Tyr Tyr Lys Val Val Leu Asp Trp Ile Thr Ser Trp Gln Cys Thr Leu<br>500 505 510     | 1536 |
| att gga acg ctg gcc gtg agc tcc tcg gag gtt tcg atg ctt atc ctg<br>Ile Gly Thr Leu Ala Val Ser Ser Ser Glu Val Ser Met Leu Ile Leu<br>515 520 525     | 1584 |
| gct ttt atg tcg ctg gag cgg ttt ctc ttg atc gcc gat ccc ttt cgc<br>Ala Phe Met Ser Leu Glu Arg Phe Leu Leu Ile Ala Asp Pro Phe Arg<br>530 535 540     | 1632 |
| ggc cat cgc agc att ggc aat cgg gtg atg tgg ctg gct ttg att tgc<br>Gly His Arg Ser Ile Gly Asn Arg Val Met Trp Leu Ala Leu Ile Cys<br>545 550 555 560 | 1680 |
| att tgg att acg ggc gtg ggc ttg gct gtg gca cgg gtg ctc ctg tgg<br>Ile Trp Ile Thr Gly Val Gly Leu Ala Val Ala Pro Val Leu Leu Trp                    | 1728 |

10

20

30

30

Met Val Tyr Gly Arg Ser Ile Ala Val Gly Phe Cys Leu Met Thr Val

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

10

20

30



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

10

20

30

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

10

20

30

Lys Lys Ile Thr Ser Arg Lys Arg Ala Glu Ala Gly Asn Gly Asn Val  
725 730 735

Ala Ile Thr Thr Thr Gly Thr Ala Thr Gly Ser Ser Gln His Pro Asp  
740 745 750

Asp Phe Thr Ile Phe Ala Lys Ala Ala Met Arg Cys His  
755 760 765

<210> 85  
<211> 2397  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

10

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2397)  
<223>

<400> 85  
atg gcc ata gac ctc ctg atc ctg gcc ctg ctg ctc gtc tgc ttc ctg 48  
Met Ala Ile Asp Leu Leu Ile Leu Ala Leu Leu Val Ser Phe Leu  
1 5 10 15  
atc aac ctg ctg gcg ctg tgt gcc ttt tgg ata acg cct ggc ttg agg 96  
Ile Asn Leu Leu Ala Leu Cys Ala Phe Trp Ile Thr Pro Gly Leu Arg  
20 25 30  
acc acc gcc aat cgc ttt acg atc aac ctg ctg gcc atc aat ctc att 144  
Thr Thr Ala Asn Arg Phe Thr Ile Asn Leu Leu Ala Ile Asn Leu Ile  
35 40 45  
ggg tgc tgc atc ttg gcc ccc act ttg ttc ctg gga ctg cgc gga aag 192  
Gly Cys Cys Ile Leu Ala Pro Thr Leu Phe Leu Gly Leu Pro Gly Lys  
50 55 60  
tct gcg gag gca tcc act tcc aac gcc gag acc ctg gag ttc ttc tgc 240  
Ser Ala Glu Ala Ser Thr Ser Asn Ala Glu Thr Leu Glu Phe Phe Ser  
65 70 75 80  
aag ccg gga aac cat cag gtg ata ctt cgt cgc aat ggc cag ctg gtg 288  
Lys Pro Gly Asn His Gln Val Ile Leu Arg Arg Asn Gly Gln Leu Val  
85 90 95  
gaa cag gac ggc gtg gtg gtg cga agg aac atc agc gaa aac ggc gat 336  
Glu Gln Asp Gly Val Val Val Arg Arg Asn Ile Ser Glu Asn Gly Asp  
100 105 110  
acg gtg gag acc ttc ttc aag tgc aat gcc acc tac tgt cgc gag ttg 384  
Thr Val Glu Thr Phe Phe Lys Cys Asn Ala Thr Tyr Cys Arg Glu Leu  
115 120 125  
acc atc gat gag cgc gga gat ggt gcc ttt gtc atc acg gaa acc gag 432  
Thr Ile Asp Glu Arg Gly Asp Gly Gly Phe Val Ile Thr Glu Thr Glu

20

30

| 130                                                                                                                                                   | 135 | 140 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| aca cac gaa gag aat ctc tgc gcc ttt gag agc tta ccc acg gag gct<br>Thr His Glu Glu Asn Leu Ser Ala Phe Glu Ser Leu Pro Thr Glu Ala<br>145 150 155 160 |     |     | 480  |
| ccc att ttg ccg ccc gtc caa ctg aga tgt tgg tcc ata gac atg act<br>Pro Ile Leu Pro Val Gln Leu Arg Cys Trp Ser Ile Asp Met Thr<br>165 170 175         |     |     | 528  |
| gct gcg ctg gga gct ctg gca gta ctg ctc gtg gtg ggg gac acc tgg<br>Ala Ala Leu Gly Ala Leu Ala Val Leu Val Val Gly Asp Thr Trp<br>180 185 190         |     |     | 576  |
| tgt gcc gtt acg gat ccc ctg cgc tac cac agt cgc att tgc ggc gtg<br>Cys Ala Val Thr Asp Pro Leu Arg Tyr His Ser Arg Ile Ser Gly Val<br>195 200 205     |     |     | 624  |
| aaa acc tgg atc ttc ata gca ctc acc tgg gtg gtg ggc ata ctc ttt<br>Lys Thr Trp Ile Phe Ile Ala Leu Thr Trp Val Val Gly Ile Leu Phe<br>210 215 220     |     |     | 672  |
| gga gcc ctt tcc gcc ttc cga gtt ttg gac ttt gag gcg gac gcc ctg<br>Gly Ala Leu Ser Ala Phe Arg Val Leu Asp Phe Glu Ala Asp Ala Leu<br>225 230 235 240 |     |     | 720  |
| ttc agc aga caa cgc cgc ctg gca gtc acg tac ttc aac atc agc agc<br>Phe Ser Arg Gln Arg Arg Leu Ala Val Thr Tyr Phe Asn Ile Ser Ser<br>245 250 255     |     |     | 768  |
| acc aat agt att ttc gga gtg gtg tac gcc agt gtc tac ttc atc gtg<br>Thr Asn Ser Ile Phe Gly Val Val Tyr Ala Ser Val Tyr Phe Ile Val<br>260 265 270     |     |     | 816  |
| atc atc ctc ctg ccc ttc ggc ttc gtg tgc gga atg tac tgg agg ata<br>Ile Ile Leu Leu Pro Phe Gly Phe Val Cys Gly Met Tyr Trp Arg Ile<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| ttc agt gag gcg cgc gga aat ggg ctg cgc atg cgc cag aat ggc tct<br>Phe Ser Glu Ala Arg Gly Asn Gly Leu Arg Met Arg Gln Asn Gly Ser<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| tgc ccg ctg ctg cag agc gcc ttg aat ctg acg gct ggc cag cag gcg<br>Ser Pro Leu Leu Gln Ser Ala Leu Asn Leu Thr Ala Gly Gln Gln Ala<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| gct caa gcc aac cag ttc tcc aat agc ttg tgt gtt cat cgg cat tcc<br>Ala Gln Ala Asn Gln Phe Ser Asn Ser Leu Cys Val His Arg His Ser<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| ata tcc tgc gcc agt tgc cat ggc ggc aac agc agc ttg ggc ttg ggc<br>Ile Ser Ser Ala Ser Ser His Gly Gly Asn Ser Ser Leu Gly Leu Gly<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| ggc ctg caa atg caa att gat cag cgc caa cag ccg agg agt tgc ccc<br>Gly Leu Gln Met Gln Ile Asp Gln Arg Gln Gln Pro Arg Ser Ser Pro<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| agt tgt ctc cgt cgg gac tgc gcc gcg aaa gta ctt ttg ccc acc atc                                                                                       |     |     | 1152 |

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Ser | Cys | Leu | Arg | Arg | Asp | Ser | Ala | Ala | Lys | Val | Leu | Leu | Pro | Thr | Ile |      |  |
| 370 |     |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |  |
| tcg | gat | gat | ggt | ggc | tca | gat | gcg | gaa | agt | gga | gcc | gga | gtt | caa | ctg | 1200 |  |
| Ser | Asp | Asp | Gly | Gly | Ser | Asp | Ala | Glu | Ser | Gly | Ala | Gly | Val | Gln | Leu |      |  |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |      |  |
| atg | ccc | gta | cag | gag | cac | tca | ctg | tca | gat | aga | aat | cag | aac | att | atg | 1248 |  |
| Met | Pro | Val | Gln | Thr | His | Ser | Leu | Ser | Asp | Arg | Asn | Gln | Asn | Ile | Met |      |  |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |      |  |
| ctt | act | ctg | caa | aca | gcc | agt | ggt | gaa | ata | aag | agg | aac | tac | tcc | gcc | 1296 |  |
| Leu | Thr | Leu | Gln | Thr | Ala | Ser | Gly | Ile | Lys | Arg | Asn | Tyr | Ser | Ala |     |      |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |      |  |
| aga | cag | ctg | ccc | ctg | ttg | ggc | act | tct | tcg | cag | gat | ctg | agg | gag | act | 1344 |  |
| Arg | Gln | Leu | Pro | Leu | Leu | Gly | Thr | Ser | Ser | Gln | Asp | Leu | Arg | Glu | Thr |      |  |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |  |
| aat | cgt | ctg | cag | ggc | ata | cgc | cag | gtg | cac | agt | tcg | ccc | aat | ctc | cac | 1392 |  |
| Asn | Arg | Leu | Gln | Gly | Ile | Arg | Gln | Val | His | Ser | Ser | Pro | Asn | Leu | His |      |  |
|     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |      |  |
| aag | tac | acg | gaa | ctg | cgc | cag | gac | tcg | ctc | agt | gag | gag | tgt | ggt | tct | 1440 |  |
| Lys | Tyr | Thr | Glu | Leu | Arg | Gln | Asp | Ser | Leu | Ser | Glu | Glu | Cys | Gly | Ser |      |  |
|     |     |     |     | 465 |     | 470 |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |      |  |
| ccg | cat | ctt | ttg | ggt | cac | gcc | cag | cgg | cag | cag | cag | cag | caa | ttg | cac | 1488 |  |
| Pro | His | Leu | Leu | Gly | His | Ala | Gln | Arg | Gln | Gln | Gln | Gln | Gln | Leu | His |      |  |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     | 490 |     |     |     |     |     | 495 |     |      |  |
| ctg | caa | cat | cag | cag | caa | cag | cat | cat | cac | cac | cag | caa | cat | cat | ccg | 1536 |  |
| Leu | Gln | His | Gln | Gln | Gln | Gln | His | His | His | His | Gln | Gln | His | His | Pro |      |  |
|     |     |     |     | 500 |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |      |  |
| cac | ttc | agt | tcg | ccg | cgc | cac | cag | caa | cac | ggc | cac | gcc | ctc | cag | ata | 1584 |  |
| His | Phe | Ser | Ser | Pro | Arg | His | Gln | Gln | His | Gly | His | Ala | Leu | Gln | Ile |      |  |
|     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |      |  |
| ccc | gcc | att | cat | gcc | tcc | ccc | aag | gct | ctg | agt | tac | atg | agc | tcc | ttg | 1632 |  |
| Pro | Ala | Ile | His | Ala | Ser | Pro | Lys | Ala | Leu | Ser | Tyr | Met | Ser | Ser | Leu |      |  |
|     |     | 530 |     |     |     | 535 |     |     |     |     |     | 540 |     |     |     |      |  |
| cga | cac | cgt | ttg | agc | aac | gcc | agt | tcg | cta | ttc | aaa | tac | cgt | gag | gag | 1680 |  |
| Arg | His | Arg | Leu | Ser | Asn | Ala | Ser | Ser | Leu | Phe | Lys | Tyr | Arg | Glu | Glu |      |  |
|     |     |     |     | 545 |     | 550 |     |     |     | 555 |     |     |     | 560 |     |      |  |
| tcg | aga | gca | gcc | cgc | atc | agc | atc | ctg | gtg | gtg | gtg | atg | ttt | gtg | gtc | 1728 |  |
| Ser | Arg | Ala | Ala | Arg | Ile | Ser | Ile | Leu | Val | Val | Val | Met | Phe | Val | Val |      |  |
|     |     |     |     | 565 |     |     |     | 570 |     |     |     |     |     | 575 |     |      |  |
| tcg | tac | ctg | ccc | ttc | gga | ctg | ctg | gta | ctc | ctg | caa | tcg | cga | ctg | tcg | 1776 |  |
| Ser | Tyr | Leu | Pro | Phe | Gly | Leu | Leu | Val | Leu | Leu | Gln | Ser | Arg | Leu | Ser |      |  |
|     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |      |  |
| gct | gct | aac | ttt | ggc | gga | tcc | tcc | cag | ctg | gcc | atc | ttc | atg | atc | ctg | 1824 |  |
| Ala | Ala | Asn | Phe | Gly | Gly | Ser | Ser | Gln | Leu | Ala | Ile | Phe | Met | Ile | Leu |      |  |
|     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |      |  |

10

20

30

ctg gcc aat ctg agt tgc cca ttc atc ttc gcc tac agg aac aag agg 1872  
 Leu Ala Asn Leu Ser Ser Pro Phe Ile Phe Ala Tyr Arg Asn Lys Arg  
 610 615 620  
 gtg agg cga gga gtc aag cgg ctg ttt ggt ctg gat tgc tgc tgc ggc 1920  
 Val Arg Arg Gly Val Lys Arg Leu Phe Gly Leu Asp Ser Ser Ser Gly  
 625 630 635 640  
 ctg cag cgc aac tgc agc agc agt gta aag acc aat ggc acc gca ggt 1968  
 Leu Gln Arg Asn Cys Ser Ser Ser Val Lys Thr Asn Gly Thr Ala Gly  
 645 650 655  
 cct gct gca agt ggt gca caa ttg cag cgc aac agc agc aag ttg tgc 2016  
 Pro Ala Ala Ser Gly Ala Gln Leu Gln Arg Asn Ser Ser Lys Leu Ser  
 660 665 670  
 cag tac agc agc aac agc tgc aag tat ctg acc ccc cag agt tcc ctg 2064  
 Gln Tyr Ser Ser Asn Ser Cys Lys Tyr Leu Thr Pro Gln Ser Ser Leu  
 675 680 685  
 gtc agt caa gtg ccg gtg cat acg acc ttg acg tta agg ccc aac agc 2112  
 Val Ser Gln Val Pro Val His Thr Thr Leu Thr Leu Arg Pro Asn Ser  
 690 695 700  
 agc tgc agc acc atc atc aat ttc ggt ggc gcc agg ggc tca gcg gac 2160  
 Ser Cys Ser Thr Ile Ile Asn Phe Gly Gly Ala Arg Gly Ser Ala Asp  
 705 710 715 720  
 tcc gat gag cag cca ccg gca aca cca cca cct act gtg gca gtt gct 2208  
 Ser Asp Glu Gln Pro Pro Ala Thr Pro Pro Thr Val Ala Val Ala  
 725 730 735  
 cca ccg ccc aca cga ccg cag cgc ccc aag ctg cag agg ggc atc acc 2256  
 Pro Pro Pro Thr Arg Pro Gln Arg Pro Lys Leu Gln Arg Gly Ile Thr  
 740 745 750  
 atc gtt gag cac ata gct ata aca cca acc atg ccc caa aag ttc cag 2304  
 Ile Val Glu His Ile Ala Ile Thr Pro Thr Met Pro Gln Lys Phe Gln  
 755 760 765  
 aat cgg cgc gcc agg ctg ttc gac atg ttc ttc cgc agc tcc aag aaa 2352  
 Asn Arg Arg Ala Arg Leu Phe Asp Met Phe Phe Arg Ser Ser Lys Lys  
 770 775 780  
 ctg cag gcg ggc tgc cag agc cag agt ttg ccc act gag gtc taa 2397  
 Leu Gln Ala Gly Cys Gln Ser Gln Ser Leu Pro Thr Glu Val  
 785 790 795

<210> 86  
 <211> 798  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 86

Met Ala Ile Asp Leu Leu Ile Leu Ala Leu Leu Leu Val Ser Phe Leu  
 1 5 10 15

10

20

30

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

10

20

30

Thr Asn Ser Ile Phe Gly Val Val Tyr Ala Ser Val Tyr Phe Ile Val  
 260 265 270

Ile Ile Leu Leu Pro Phe Gly Phe Val Cys Gly Met Tyr Trp Arg Ile  
 275 280 285

Phe Ser Glu Ala Arg Gly Asn Gly Leu Arg Met Arg Gln Asn Gly Ser  
 290 295 300

Ser Pro Leu Leu Gln Ser Ala Leu Asn Leu Thr Ala Gly Gln Gln Ala  
 305 310 315 320

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

Ile Ser Ser Ala Ser Ser His Gly Gly Asn Ser Ser Leu Gly Leu Gly  
 340 345 350

Gly Leu Gln Met Gln Ile Asp Gln Arg Gln Gln Pro Arg Ser Ser Pro  
 355 360 365

Ser Cys Leu Arg Arg Asp Ser Ala Ala Lys Val Leu Leu Pro Thr Ile  
 370 375 380

Ser Asp Asp Gly Gly Ser Asp Ala Glu Ser Gly Ala Gly Val Gln Leu  
 385 390 395 400

Met Pro Val Gln Glu His Ser Leu Ser Asp Arg Asn Gln Asn Ile Met  
 405 410 415

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

Arg Gln Leu Pro Leu Leu Gly Thr Ser Ser Gln Asp Leu Arg Glu Thr  
 435 440 445

Asn Arg Leu Gln Gly Ile Arg Gln Val His Ser Ser Pro Asn Leu His  
 450 455 460

Lys Tyr Thr Glu Leu Arg Gln Asp Ser Leu Ser Glu Glu Cys Gly Ser  
 465 470 475 480

Pro His Leu Leu Gly His Ala Gln Arg Gln Gln Gln Gln Leu His

10

20

30



| 485                                                                                | 490 | 495 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Leu Gln His Gln Gln Gln Gln His His His His Gln Gln His His Pro<br>500 505 510     |     |     |
| His Phe Ser Ser Pro Arg His Gln Gln His Gly His Ala Leu Gln Ile<br>515 520 525     |     |     |
| Pro Ala Ile His Ala Ser Pro Lys Ala Leu Ser Tyr Met Ser Ser Leu<br>530 535 540     |     |     |
| Arg His Arg Leu Ser Asn Ala Ser Ser Leu Phe Lys Tyr Arg Glu Glu<br>545 550 555 560 |     |     |
| Ser Arg Ala Ala Arg Ile Ser Ile Leu Val Val Val Met Phe Val Val<br>565 570 575     |     |     |
| Ser Tyr Leu Pro Phe Gly Leu Leu Val Leu Leu Gln Ser Arg Leu Ser<br>580 585 590     |     |     |
| Ala Ala Asn Phe Gly Gly Ser Ser Gln Leu Ala Ile Phe Met Ile Leu<br>595 600 605     |     |     |
| Leu Ala Asn Leu Ser Ser Pro Phe Ile Phe Ala Tyr Arg Asn Lys Arg<br>610 615 620     |     |     |
| Val Arg Arg Gly Val Lys Arg Leu Phe Gly Leu Asp Ser Ser Ser Gly<br>625 630 635 640 |     |     |
| Leu Gln Arg Asn Cys Ser Ser Ser Val Lys Thr Asn Gly Thr Ala Gly<br>645 650 655     |     |     |
| Pro Ala Ala Ser Gly Ala Gln Leu Gln Arg Asn Ser Ser Lys Leu Ser<br>660 665 670     |     |     |
| Gln Tyr Ser Ser Asn Ser Cys Lys Tyr Leu Thr Pro Gln Ser Ser Leu<br>675 680 685     |     |     |
| Val Ser Gln Val Pro Val His Thr Thr Leu Thr Leu Arg Pro Asn Ser<br>690 695 700     |     |     |
| Ser Cys Ser Thr Ile Ile Asn Phe Gly Gly Ala Arg Gly Ser Ala Asp<br>705 710 715 720 |     |     |

10

20

30

Ser Asp Glu Gln Pro Pro Ala Thr Pro Pro Pro Thr Val Ala Val Ala  
725 730 735

Pro Pro Pro Thr Arg Pro Gln Arg Pro Lys Leu Gln Arg Gly Ile Thr  
740 745 750

Ile Val Glu His Ile Ala Ile Thr Pro Thr Met Pro Gln Lys Phe Gln  
755 760 765

Asn Arg Arg Ala Arg Leu Phe Asp Met Phe Phe Arg Ser Ser Lys Lys  
770 775 780

Leu Gln Ala Gly Cys Gln Ser Gln Ser Leu Pro Thr Glu Val  
785 790 795

<210> 87  
<211> 1350  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*  
  
<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1350)  
<223>

<400> 87  
atg tac tac ata gct cac cag cag ccg atg ctg cgg aac gag gat gat 48  
Met Tyr Tyr Ile Ala His Gln Gln Pro Met Leu Arg Asn Glu Asp Asp  
1 5 10 15  
  
aac tac cag gag ggg tac ttc atc agg ccg gac cct gca tcc tta ctt 96  
Asn Tyr Gln Glu Gly Tyr Phe Ile Arg Pro Asp Pro Ala Ser Leu Leu  
20 25 30  
  
tac aat acc acc gca ctg cca gcg gac gat gaa ggg tcc aac tat gga 144  
Tyr Asn Thr Thr Ala Leu Pro Ala Asp Asp Glu Gly Ser Asn Tyr Gly  
35 40 45  
  
tat ggc tcc acc aca acg ctc agt ggc ctc cag ttc gag acc tat aat 192  
Tyr Gly Ser Thr Thr Thr Leu Ser Gly Leu Gln Phe Glu Thr Tyr Asn  
50 55 60  
  
atc act gtg atg atg aac ttt agc tgt gac gac tat gac ctt cta tcg 240  
Ile Thr Val Met Met Asn Phe Ser Cys Asp Asp Tyr Asp Leu Leu Ser  
65 70 75 80  
  
gag gac atg tgg tct ggt gcc tac ttt aag atc atc gtc tac atg ctc 288  
Glu Asp Met Trp Ser Gly Ala Tyr Phe Lys Ile Ile Val Tyr Met Leu  
85 90 95  
  
tac att ccc atc ttt atc ttc gcc ctg atc ggc aac gga acg gtc tgc 336  
Tyr Ile Pro Ile Phe Ile Phe Ala Leu Ile Gly Asn Gly Thr Val Cys  
100 105 110

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tat atc gtc tat tcc aca cct cgc atg cgc acg gtc acc aat tac ttt<br>Tyr Ile Val Tyr Ser Thr Pro Arg Met Arg Thr Val Thr Asn Tyr Phe<br>115 120 125     | 384  |
| ata gcc agc ttg gcc atc ggc gac atc ctg atg tcc ttc ttc tgc gtt<br>Ile Ala Ser Leu Ala Ile Gly Asp Ile Leu Met Ser Phe Phe Cys Val<br>130 135 140     | 432  |
| cgc tgc tcc ttc atc tog ctg ttc atc ctg aac tac tgg cct ttt ggc<br>Pro Ser Ser Phe Ile Ser Leu Phe Ile Leu Asn Tyr Trp Pro Phe Gly<br>145 150 155 160 | 480  |
| ctg gcc ctc tgt cac ttt gtg aac tac tog cag gcg gtc tca gtt ctg<br>Leu Ala Leu Cys His Phe Val Asn Tyr Ser Gln Ala Val Ser Val Leu<br>165 170 175     | 528  |
| gtc agc gcc tat act ttg gtg gca att agc att gac cgc tac ata gcc<br>Val Ser Ala Tyr Thr Leu Val Ala Ile Ser Ile Asp Arg Tyr Ile Ala<br>180 185 190     | 576  |
| att atg tgg cca tta aag cca cgc atc aca aaa cgc tat gcc acc ttc<br>Ile Met Trp Pro Leu Lys Pro Arg Ile Thr Lys Arg Tyr Ala Thr Phe<br>195 200 205     | 624  |
| atc atc gcc ggc gtt tgg ttt att gca ctt gcc acc gca ctt ccc ata<br>Ile Ile Ala Gly Val Trp Phe Ile Ala Leu Ala Thr Ala Leu Pro Ile<br>210 215 220     | 672  |
| ccc atc gtc tct gga ctc gac atc cca atg tog cgc tgg cac acg aaa<br>Pro Ile Val Ser Gly Leu Asp Ile Pro Met Ser Pro Trp His Thr Lys<br>225 230 235 240 | 720  |
| tgc gag aag tac att tgc cgc gag atg tgg cgc tgc cgg acg cag gag<br>Cys Glu Lys Tyr Ile Cys Arg Glu Met Trp Pro Ser Arg Thr Gln Glu<br>245 250 255     | 768  |
| tac tac tac acc ctg tcc ctc ttc gcg ctg cag ttc gtc gtg cgc ctg<br>Tyr Tyr Tyr Thr Leu Ser Leu Phe Ala Leu Gln Phe Val Val Pro Leu<br>260 265 270     | 816  |
| ggc gtg ctc atc ttc acc tac gcc cgg atc acc att cgc gtc tgg gcg<br>Gly Val Leu Ile Phe Thr Tyr Ala Arg Ile Thr Ile Arg Val Trp Ala<br>275 280 285     | 864  |
| aaa cga ccg cca ggc gag gcg gaa acc aac cgc gac cag cgg atg gca<br>Lys Arg Pro Pro Gly Glu Ala Glu Thr Asn Arg Asp Gln Arg Met Ala<br>290 295 300     | 912  |
| cgc tcc aaa cgg aag atg gtc aaa atg atg ctg acg gtt gtg att gtg<br>Arg Ser Lys Arg Lys Met Val Lys Met Met Leu Thr Val Val Ile Val<br>305 310 315 320 | 960  |
| ttc acc tgc tgt tgg ctg ccc ttc aat att ttg cag ctt tta ctg aac<br>Phe Thr Cys Cys Trp Leu Pro Phe Asn Ile Leu Gln Leu Leu Leu Asn<br>325 330 335     | 1008 |
| gac gag gag ttc gcc cac tgg gat cct ctg ccg tat gtg tgg ttc gcg<br>Asp Glu Glu Phe Ala His Trp Asp Pro Leu Pro Tyr Val Trp Phe Ala<br>340 345 350     | 1056 |

10

20

30

ttt cac tgg ctg gcc atg tgc cac tgc tgc tac aat ccg atc atc tac 1104  
 Phe His Trp Leu Ala Met Ser His Cys Cys Tyr Asn Pro Ile Ile Tyr  
 355 360 365  
 tgc tac atg aac gcc cgt ttc agg agc gga ttc gtc cag ctg atg cac 1152  
 Cys Tyr Met Asn Ala Arg Phe Arg Ser Gly Phe Val Gln Leu Met His  
 370 375 380  
 cgt atg ccc ggc ctg cgt cgc tgg tgc tgc ctg cgg agc gtc ggt gat 1200  
 Arg Met Pro Gly Leu Arg Arg Trp Cys Cys Leu Arg Ser Val Gly Asp  
 385 390 395 400  
 cgc atg aac gca act tcc gga acg ggt cca gca ctt cct ctc aat cga 1248  
 Arg Met Asn Ala Thr Ser Gly Thr Gly Pro Ala Leu Pro Leu Asn Arg  
 405 410 415  
 atg aac aca tcc acc acc tac atc agc gct cgt cga aag cca cga gcg 1296  
 Met Asn Thr Ser Thr Thr Tyr Ile Ser Ala Arg Arg Lys Pro Arg Ala  
 420 425 430  
 aca tct ttg cga gcg aac cca tta tgc tgc ggc gag acg tca cca ctg 1344  
 Thr Ser Leu Arg Ala Asn Pro Leu Ser Cys Gly Glu Thr Ser Pro Leu  
 435 440 445  
 cgg tag 1350  
 Arg

<210> 88  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 88

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

10

20

30

Tyr Ile Pro Ile Phe Ile Phe Ala Leu Ile Gly Asn Gly Thr Val Cys  
                   100                  105                  110

Tyr Ile Val Tyr Ser Thr Pro Arg Met Arg Thr Val Thr Asn Tyr Phe  
                   115                  120                  125

Ile Ala Ser Leu Ala Ile Gly Asp Ile Leu Met Ser Phe Phe Cys Val  
                   130                  135                  140

Pro Ser Ser Phe Ile Ser Leu Phe Ile Leu Asn Tyr Trp Pro Phe Gly  
 145                  150                  155                  160

Leu Ala Leu Cys His Phe Val Asn Tyr Ser Gln Ala Val Ser Val Leu  
                   165                  170                  175

Val Ser Ala Tyr Thr Leu Val Ala Ile Ser Ile Asp Arg Tyr Ile Ala  
                   180                  185                  190

Ile Met Trp Pro Leu Lys Pro Arg Ile Thr Lys Arg Tyr Ala Thr Phe  
                   195                  200                  205

Ile Ile Ala Gly Val Trp Phe Ile Ala Leu Ala Thr Ala Leu Pro Ile  
                   210                  215                  220

Pro Ile Val Ser Gly Leu Asp Ile Pro Met Ser Pro Trp His Thr Lys  
 225                  230                  235                  240

Cys Glu Lys Tyr Ile Cys Arg Glu Met Trp Pro Ser Arg Thr Gln Glu  
                   245                  250                  255

Tyr Tyr Tyr Thr Leu Ser Leu Phe Ala Leu Gln Phe Val Val Pro Leu  
                   260                  265                  270

Gly Val Leu Ile Phe Thr Tyr Ala Arg Ile Thr Ile Arg Val Trp Ala  
                   275                  280                  285

Lys Arg Pro Pro Gly Glu Ala Glu Thr Asn Arg Asp Gln Arg Met Ala  
                   290                  295                  300

Arg Ser Lys Arg Lys Met Val Lys Met Met Leu Thr Val Val Ile Val  
 305                  310                  315                  320

Phe Thr Cys Cys Trp Leu Pro Phe Asn Ile Leu Gln Leu Leu Leu Asn

10

20

30

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Ala | Ile | Thr | Gly | Phe | Phe | Gly | Asn | Leu | Leu | Val | Ile | Leu | Val | Val | Val |     |  |
| 50  |     |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |
| ttc | aac | aac | aac | atg | cgc | tcc | acc | acc | aac | ctg | atg | att | gtc | aat | ctg | 240 |  |
| Phe | Asn | Asn | Asn | Met | Arg | Ser | Thr | Thr | Asn | Leu | Met | Ile | Val | Asn | Leu |     |  |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |  |
| gct | gcc | gct | gat | ctg | atg | ttc | gta | atc | ctc | tgc | att | ccc | ttc | acg | gcc | 288 |  |
| Ala | Ala | Ala | Asp | Leu | Met | Phe | Val | Ile | Leu | Cys | Ile | Pro | Phe | Thr | Ala |     |  |
|     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |     |  |
| acc | gat | tac | atg | gtg | tac | tac | tgg | cca | tat | gga | agg | ttc | tgg | tgc | cgc | 336 |  |
| Thr | Asp | Tyr | Met | Val | Tyr | Tyr | Trp | Pro | Tyr | Gly | Arg | Phe | Trp | Cys | Arg |     |  |
|     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |     |  |
| agt | gtc | cag | tac | ctg | att | gtg | gtg | acc | gcc | ttc | gcc | tcc | atc | tac | acg | 384 |  |
| Ser | Val | Gln | Tyr | Leu | Ile | Val | Val | Thr | Ala | Phe | Ala | Ser | Ile | Tyr | Thr |     |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| ctg | gtg | cta | atg | tcc | atc | gat | cgg | ttc | ctg | gcg | gtg | gtt | cat | ccc | att | 432 |  |
| Leu | Val | Leu | Met | Ser | Ile | Asp | Arg | Phe | Leu | Ala | Val | Val | His | Pro | Ile |     |  |
|     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |
| cgc | tgc | cgg | atg | atg | agg | acg | gag | aac | att | acc | ctg | att | gcc | atc | gtg | 480 |  |
| Arg | Ser | Arg | Met | Met | Arg | Thr | Glu | Asn | Ile | Thr | Leu | Ile | Ala | Ile | Val |     |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |
| act | ctg | tgg | atc | gtg | gtg | ctg | gtc | gtt | tgc | gtg | cca | gtg | gcc | ttc | acc | 528 |  |
| Thr | Leu | Trp | Ile | Val | Val | Leu | Val | Val | Ser | Val | Pro | Val | Ala | Phe | Thr |     |  |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |  |
| cac | gac | gtg | gtg | gtg | gat | tac | gat | gca | aag | aag | aac | atc | acc | tac | ggc | 576 |  |
| His | Asp | Val | Val | Val | Asp | Tyr | Asp | Ala | Lys | Lys | Asn | Ile | Thr | Tyr | Gly |     |  |
|     |     | 180 |     |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |
| atg | tgc | acc | ttc | acg | acg | aac | gac | ttc | ctt | ggc | ccg | cgc | acc | tac | cag | 624 |  |
| Met | Cys | Thr | Phe | Thr | Thr | Asn | Asp | Phe | Leu | Gly | Pro | Arg | Thr | Tyr | Gln |     |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| gtc | acc | ttc | ttc | atc | agc | tcc | tac | ctg | ctg | ccc | ctg | atg | atc | atc | agc | 672 |  |
| Val | Thr | Phe | Phe | Ile | Ser | Ser | Tyr | Leu | Leu | Pro | Leu | Met | Ile | Ile | Ser |     |  |
|     |     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |
| ggc | ctc | tac | atg | cgc | atg | atc | atg | cgg | ctc | tgg | cgc | cag | gga | acc | ggc | 720 |  |
| Gly | Leu | Tyr | Met | Arg | Met | Ile | Met | Arg | Leu | Trp | Arg | Gln | Gly | Thr | Gly |     |  |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |  |
| gtc | cgc | atg | tcc | aag | gag | tgc | cag | cgc | ggc | cgc | aag | cgg | gtc | acc | cga | 768 |  |
| Val | Arg | Met | Ser | Lys | Glu | Ser | Gln | Arg | Gly | Arg | Lys | Arg | Val | Thr | Arg |     |  |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |  |
| ctc | gtc | gtc | gtg | gtg | gtc | atc | gcc | ttc | gcc | tgc | ctc | tgg | ctg | cct | gtc | 816 |  |
| Leu | Val | Val | Val | Val | Val | Ile | Ala | Phe | Ala | Ser | Leu | Trp | Leu | Pro | Val |     |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |  |
| cag | ctc | atc | ctg | ctg | ctc | aag | tca | ctg | gat | gtc | atc | gag | acg | aac | acc | 864 |  |
| Gln | Leu | Ile | Leu | Leu | Leu | Lys | Ser | Leu | Asp | Val | Ile | Glu | Thr | Asn | Thr |     |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |  |

10

20

30

ctc acc aag cta gtc atc cag gtc acc gcc cag act ctg gcc tac agc 912  
 Leu Thr Lys Leu Val Ile Gln Val Thr Ala Gln Thr Leu Ala Tyr Ser  
 290 295 300  
 agc tcg tgt atc aat ccg ctg ctc tac gcc ttc ctc tcc gag aat ttc 960  
 Ser Ser Cys Ile Asn Pro Leu Leu Tyr Ala Phe Leu Ser Glu Asn Phe  
 305 310 315 320  
 cgg aag gcc ttc tac aag gcc gtt aac tgc tcc tct cga tac cag aac 1008  
 Arg Lys Ala Phe Tyr Lys Ala Val Asn Cys Ser Ser Arg Tyr Gln Asn  
 325 330 335  
 tac aca tct gat ttg ccg ccg ccg cgc aag acg tcc tgt gcc agg acc 1056  
 Tyr Thr Ser Asp Leu Pro Pro Pro Arg Lys Thr Ser Cys Ala Arg Thr  
 340 345 350  
 tcc acc act gga ctc taa 1074  
 Ser Thr Thr Gly Leu  
 355

10

<210> 90  
 <211> 357  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 90

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

Asn Glu Glu Asn Ile Thr Ser Phe Phe Thr Asp Glu Glu Trp Leu Ala  
 20 25 30

20

Ile Asn Gly Thr Leu Pro Trp Ile Val Gly Phe Phe Phe Gly Val Ile  
 35 40 45

Ala Ile Thr Gly Phe Phe Gly Asn Leu Leu Val Ile Leu Val Val Val  
 50 55 60

Phe Asn Asn Asn Met Arg Ser Thr Thr Asn Leu Met Ile Val Asn Leu  
 65 70 75 80

Ala Ala Ala Asp Leu Met Phe Val Ile Leu Cys Ile Pro Phe Thr Ala  
 85 90 95

30

Thr Asp Tyr Met Val Tyr Tyr Trp Pro Tyr Gly Arg Phe Trp Cys Arg  
 100 105 110

Ser Val Gln Tyr Leu Ile Val Val Thr Ala Phe Ala Ser Ile Tyr Thr  
 115 120 125



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

10

20

30

<210> 91  
 <211> 1560  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1560)  
 <223>

<400> 91  
 atg gag aat cgc agt gac ttc gag gcg gat gac tac gcc gac atc agt 48  
 Met Glu Asn Arg Ser Asp Phe Glu Ala Asp Asp Tyr Gly Asp Ile Ser  
 1 5 10 15  
 tgg agc aat tgg agc aac tgg agc acc ccc gcc gcc gtc ctt ttc tcg 96  
 Trp Ser Asn Trp Ser Asn Trp Ser Thr Pro Ala Gly Val Leu Phe Ser  
 20 25 30  
 gcc atg agc agc gtg ctc tcg gcc agc aac cat acg ccc ctg ccg gac 144  
 Ala Met Ser Ser Val Leu Ser Ala Ser Asn His Thr Pro Leu Pro Asp  
 35 40 45  
 ttt gcc cag gag ctc gcc cta tcc acc agc tcc ttc aat cac agc cag 192  
 Phe Gly Gln Glu Leu Ala Leu Ser Thr Ser Ser Phe Asn His Ser Gln  
 50 55 60  
 acc cta tcc acc gac cag ccc gcc gtc ggg gac gtg gaa gac gcg gcc 240  
 Thr Leu Ser Thr Asp Gln Pro Ala Val Gly Asp Val Glu Asp Ala Ala  
 65 70 75 80  
 gag gat gcg gcg gcg tcc atg gag acg gcc tcg ttt gca ttt gtg gtc 288  
 Glu Asp Ala Ala Ala Ser Met Glu Thr Gly Ser Phe Ala Phe Val Val  
 85 90 95  
 ccg tgg tgg cgt cag gtg ctc tgg agc atc ctc ttc gcc gcc atg gtc 336  
 Pro Trp Trp Arg Gln Val Leu Trp Ser Ile Leu Phe Gly Gly Met Val  
 100 105 110  
 att gtg gcg acg gcc ggt aac ctg att gtt gtc tgg atc gtg atg acg 384  
 Ile Val Ala Thr Gly Gly Asn Leu Ile Val Val Trp Ile Val Met Thr  
 115 120 125  
 acc aag cgg atg cgg acg gta acc aac tat ttc ata gtg aat ctc tcc 432  
 Thr Lys Arg Met Arg Thr Val Thr Asn Tyr Phe Ile Val Asn Leu Ser  
 130 135 140  
 atc gcg gac gcc atg gtg tcc agc ctg aac gtc acc ttc aac tac tac 480  
 Ile Ala Asp Ala Met Val Ser Ser Leu Asn Val Thr Phe Asn Tyr Tyr  
 145 150 155 160  
 tac atg ctg gat agc gac tgg ccc ttc gcc gag ttc tac tgc aag ttg 528  
 Tyr Met Leu Asp Ser Asp Trp Pro Phe Gly Glu Phe Tyr Cys Lys Leu  
 165 170 175  
 tcc cag ttc atc gcg atg cta agc atc tgc gcc tca gtg ttc acc cta 576  
 Ser Gln Phe Ile Ala Met Leu Ser Ile Cys Ala Ser Val Phe Thr Leu

10

20

30

| 180                                                                                                                                                   | 185 | 190 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| atg gcc atc tcc atc gac aga tac gtg gcc atc atc cgg cca ctg cag<br>Met Ala Ile Ser Ile Asp Arg Tyr Val Ala Ile Ile Arg Pro Leu Gln<br>195 200 205     |     |     | 624  |
| cgg cgg atg agc aag cgg tgc aac ctg gcc atc gcg gcg gtc atc tgg<br>Pro Arg Met Ser Lys Arg Cys Asn Leu Ala Ile Ala Ala Val Ile Trp<br>210 215 220     |     |     | 672  |
| ctg gcc tcc acg ctc atc tcc tgc ccc atg atg atc atc tac cgc acg<br>Leu Ala Ser Thr Leu Ile Ser Cys Pro Met Met Ile Ile Tyr Arg Thr<br>225 230 235 240 |     |     | 720  |
| gag gag gtg cgg gtc cgc ggg ctc agc aac cgc acg gtc tgc tac cgg<br>Glu Glu Val Pro Val Arg Gly Leu Ser Asn Arg Thr Val Cys Tyr Pro<br>245 250 255     |     |     | 768  |
| gag tgg ccc gat ggg ccc acc aat cac tcc acg atg gag tcc ctc tac<br>Glu Trp Pro Asp Gly Pro Thr Asn His Ser Thr Met Glu Ser Leu Tyr<br>260 265 270     |     |     | 816  |
| aac atc ctc atc atc atc cta acc tac ttc ctg ccc atc gtc tcc atg<br>Asn Ile Leu Ile Ile Ile Leu Thr Tyr Phe Leu Pro Ile Val Ser Met<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| acg gtc acc tac tcg cgc gtg ggc atc gag ctc tgg gga tcc aag acc<br>Thr Val Thr Tyr Ser Arg Val Gly Ile Glu Leu Trp Gly Ser Lys Thr<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| atc ggc gag tgc acg ccc cgc cag gtg gaa aac gtg cgg agt aag cga<br>Ile Gly Glu Cys Thr Pro Arg Gln Val Glu Asn Val Arg Ser Lys Arg<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| agg gtg gtg aag atg atg att gtg gtc gtc ctg ata ttc gcc atc tgc<br>Arg Val Val Lys Met Met Ile Val Val Val Leu Ile Phe Ala Ile Cys<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| tgg ctg cgg ttc cac agc tac ttc ata atc aca tcc tgc tac cgg gcc<br>Trp Leu Pro Phe His Ser Tyr Phe Ile Ile Thr Ser Cys Tyr Pro Ala<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| atc acg gag gcg ccc ttc atc cag gaa ctc tac ctg gcc atc tac tgg<br>Ile Thr Glu Ala Pro Phe Ile Gln Glu Leu Tyr Leu Ala Ile Tyr Trp<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| ctg gcc atg agc aac tcc atg tac aat ccc att ata tac tgc tgg atg<br>Leu Ala Met Ser Asn Ser Met Tyr Asn Pro Ile Ile Tyr Cys Trp Met<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| aat tcg cgc ttt cgc tat ggt ttc aag atg gtc ttc cgc tgg tgc ctg<br>Asn Ser Arg Phe Arg Tyr Gly Phe Lys Met Val Phe Arg Trp Cys Leu<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| ttt gtg cgc gtg ggc act gaa ccc ttt agt cgg cgg gag aac ctg aca<br>Phe Val Arg Val Gly Thr Glu Pro Phe Ser Arg Arg Glu Asn Leu Thr<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| tcc cgg tac tcc tgc tcc ggt tcc cgg gat cac aat cgc atc aag cgc                                                                                       |     |     | 1296 |

10

20

30

Ser Arg Tyr Ser Cys Ser Gly Ser Pro Asp His Asn Arg Ile Lys Arg  
 420 425 430  
 aat gat acc cag aaa tcg ata ctt tat acc tgt ccc agc tca ccc aag 1344  
 Asn Asp Thr Gln Lys Ser Ile Leu Tyr Thr Cys Pro Ser Ser Pro Lys  
 435 440 445  
 tcg cat cga att tcg cac agc gga aca ggt cgc agt gcg acg ctg cgg 1392  
 Ser His Arg Ile Ser His Ser Gly Thr Gly Arg Ser Ala Thr Leu Arg  
 450 455 460  
 aac agt ctg ccg gcg gag tca ctg tcg tcc ggc gga tct ggt ggt gga 1440  
 Asn Ser Leu Pro Ala Glu Ser Leu Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 465 470 475 480  
 ggg cac agg aaa cgg ttg tcc tac cag cag gaa atg cag cag cgt tgg 1488  
 Gly His Arg Lys Arg Leu Ser Tyr Gln Gln Glu Met Gln Gln Arg Trp  
 485 490 495  
 tca gga ccc aat agt gcc acc gca gtg acc aat tcc agc agt acg gcc 1536  
 Ser Gly Pro Asn Ser Ala Thr Ala Val Thr Asn Ser Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510  
 aac acc acc caa ctg ctc tcc tga 1560  
 Asn Thr Thr Gln Leu Leu Ser  
 515

<210> 92  
 <211> 519  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 92

Met Glu Asn Arg Ser Asp Phe Glu Ala Asp Asp Tyr Gly Asp Ile Ser  
 1 5 10 15

Trp Ser Asn Trp Ser Asn Trp Ser Thr Pro Ala Gly Val Leu Phe Ser  
 20 25 30

Ala Met Ser Ser Val Leu Ser Ala Ser Asn His Thr Pro Leu Pro Asp  
 35 40 45

Phe Gly Gln Glu Leu Ala Leu Ser Thr Ser Ser Phe Asn His Ser Gln  
 50 55 60

Thr Leu Ser Thr Asp Gln Pro Ala Val Gly Asp Val Glu Asp Ala Ala  
 65 70 75 80

Glu Asp Ala Ala Ala Ser Met Glu Thr Gly Ser Phe Ala Phe Val Val  
 85 90 95

10

20

30

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

10

20

30

Trp Leu Pro Phe His Ser Tyr Phe Ile Ile Thr Ser Cys Tyr Pro Ala  
 340 345 350

Ile Thr Glu Ala Pro Phe Ile Gln Glu Leu Tyr Leu Ala Ile Tyr Trp  
 355 360 365

Leu Ala Met Ser Asn Ser Met Tyr Asn Pro Ile Ile Tyr Cys Trp Met  
 370 375 380

Asn Ser Arg Phe Arg Tyr Gly Phe Lys Met Val Phe Arg Trp Cys Leu  
 385 390 395 400

Phe Val Arg Val Gly Thr Glu Pro Phe Ser Arg Arg Glu Asn Leu Thr  
 405 410 415

Ser Arg Tyr Ser Cys Ser Gly Ser Pro Asp His Asn Arg Ile Lys Arg  
 420 425 430

Asn Asp Thr Gln Lys Ser Ile Leu Tyr Thr Cys Pro Ser Ser Pro Lys  
 435 440 445

Ser His Arg Ile Ser His Ser Gly Thr Gly Arg Ser Ala Thr Leu Arg  
 450 455 460

Asn Ser Leu Pro Ala Glu Ser Leu Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 465 470 475 480

Gly His Arg Lys Arg Leu Ser Tyr Gln Gln Glu Met Gln Gln Arg Trp  
 485 490 495

Ser Gly Pro Asn Ser Ala Thr Ala Val Thr Asn Ser Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510

Asn Thr Thr Gln Leu Leu Ser  
 515

<210> 93  
 <211> 1695  
 <212> DNA  
 <213> Drosophila melanogaster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1695)  
 <223>

10

20

30

```

<400> 93
atg gct tta tct gga cag gac tgg cgg cgc cat cag agc cac cgc cag      48
Met Ala Leu Ser Gly Gln Asp Trp Arg Arg His Gln Ser His Arg Gln
1      5      10      15

cac aga aac cac aga acc cag gga aac cac cag aaa ctg atc tcc acc      96
His Arg Asn His Arg Thr Gln Gly Asn His Gln Lys Leu Ile Ser Thr
      20      25      30

gcc acg ctg act ctg ttc gtg ctc ttt ctg agc agc tgg ata gcc tat      144
Ala Thr      35      40      45      50
Leu Thr Leu Phe Val Leu Phe Leu Ser Ser Trp Ile Ala Tyr

gcg gcg ggc aag gcc acc gtt ccc gct ccg ctc gtg gaa ggc gag acg      192
Ala Ala Gly Lys Ala Thr      55      60      65
Val Pro Ala Pro Leu Val Glu Gly Glu Thr

gag tcg gcc act tcg cag gac ttt aat agc agt agc gcc ttc ctg ggg      240
Glu Ser Ala Thr Ser      70      75      80
Gln Asp Phe Asn Ser Ser Ser Ala Phe Leu Gly

gcc ata gcc tcg gcc tca tcg acg gga tcg gga tcg ggc tcg ggc tcg      288
Ala Ile Ala Ser Ala Ser Ser Thr Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser
      85      90      95

ggc tcg gga tcg gga tcg gga tca gga tcc tat ggc ctg gcc tcg atg      336
Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Tyr Gly Leu Ala Ser Met
      100      105      110

aac agc agc ccc att gcc ata gtc tcg tat caa ggc atc acc agc agc      384
Asn Ser Ser Pro Ile Ala Ile Val Ser Tyr Gln Gly Ile Thr Ser Ser
      115      120      125

aat ttg ggc gac agc aat acg act ttg gtg ccg cta tcg gac act cct      432
Asn Leu Gly Asp Ser Asn Thr Thr Leu Val Pro Leu Ser Asp Thr Pro
      130      135      140

ttg ctc ctg gag gaa ttt gca gcc ggc gag ttt gta ctg ccc ccg ttg      480
Leu Leu Leu Glu Glu Phe Ala Ala Gly Glu Phe Val Leu Pro Pro Leu
      145      150      155      160

acg tcc ata ttc gtg agc atc gtc ctt ctc atc gtg atc cta ggc act      528
Thr Ser Ile Phe Val Ser Ile Val Leu Leu Ile Val Ile Leu Gly Thr
      165      170      175

gta gtg ggc aat gtc ctg gtc tgc ata gcc gtt tgc atg gtg cgg aaa      576
Val Val Gly Asn Val Leu Val Cys Ile Ala Val Cys Met Val Arg Lys
      180      185      190

ttg agg aga ccc tgc aat tac ctt ttg gtg tcc ttg gct ctt tcg gat      624
Leu Arg Arg Pro Cys Asn Tyr Leu Leu Val Ser Leu Ala Leu Ser Asp
      195      200      205

ctc tgt gtg gct ctt ctg gtg atg ccc atg gcc ttg ctt tat gaa gtg      672
Leu Cys Val Ala Leu Leu Val Met Pro Met Ala Leu Leu Tyr Glu Val
      210      215      220

ctg gag aag tgg aac ttt gga ccg ctg ctc tgc gac atc tgg gtg tcc      720
Leu Glu Lys Trp Asn Phe Gly Pro Leu Leu Cys Asp Ile Trp Val Ser

```

10

20

30

| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| ttc gat gtg ctg tgc tgc acg gcc tgc atc ctg aat ctg tgt gcc ata |     |     |     | 768  |
| Phe Asp Val Leu Cys Cys Thr Ala Ser Ile Leu Asn Leu Cys Ala Ile | 245 | 250 | 255 |      |
| tcc gtg gat cga tac ctg gcc atc acg aag ccc ctg gag tac ggc gtg |     |     |     | 816  |
| Ser Val Asp Arg Tyr Leu Ala Ile Thr Lys Pro Leu Glu Tyr Gly Val | 260 | 265 | 270 |      |
| aag agg act cct cgg cga atg atg ctg tgc gtg ggc atc gtc tgg ctg |     |     |     | 864  |
| Lys Arg Thr Pro Arg Arg Met Met Leu Cys Val Gly Ile Val Trp Leu | 275 | 280 | 285 |      |
| gcc gcc gcc tgc atc tca ttg cct cct ctg ctg atc ctg ggc aac gag |     |     |     | 912  |
| Ala Ala Ala Cys Ile Ser Leu Pro Pro Leu Leu Ile Leu Gly Asn Glu | 290 | 295 | 300 |      |
| cac gag gac gag gag ggc cag cct atc tgc acg gtg tgc cag aac ttc |     |     |     | 960  |
| His Glu Asp Glu Glu Gly Gln Pro Ile Cys Thr Val Cys Gln Asn Phe | 305 | 310 | 315 | 320  |
| gca tat cag atc tac gcc acc ctg ggc tca ttt tac ata cca ctc tgc |     |     |     | 1008 |
| Ala Tyr Gln Ile Tyr Ala Thr Leu Gly Ser Phe Tyr Ile Pro Leu Ser | 325 | 330 | 335 |      |
| gtg atg ctg ttt gtg tac tac cag atc ttc agg gcg gcg agg cgg att |     |     |     | 1056 |
| Val Met Leu Phe Val Tyr Tyr Gln Ile Phe Arg Ala Ala Arg Arg Ile | 340 | 345 | 350 |      |
| gtc ctg gaa gag aaa cgc gcc cag acg cat ttg caa cag gcg ctc aat |     |     |     | 1104 |
| Val Leu Glu Glu Lys Arg Ala Thr His Leu Gln Gln Ala Leu Asn     | 355 | 360 | 365 |      |
| ggc aca gga tgc cca tgc gcc ccg cag gct ccg ccc ttg ggc cac acg |     |     |     | 1152 |
| Gly Thr Gly Ser Pro Ser Ala Pro Gln Ala Pro Pro Leu Gly His Thr | 370 | 375 | 380 |      |
| gag ctg gcc agc tgc gga aat ggc cag agg cac agc agc gtg ggc aac |     |     |     | 1200 |
| Glu Leu Ala Ser Ser Gly Asn Gly Gln Arg His Ser Ser Val Gly Asn | 385 | 390 | 395 | 400  |
| act tgc ctc acc tac tcc acc tgt ggg ggt ctg agc agc gga gga ggc |     |     |     | 1248 |
| Thr Ser Leu Thr Tyr Ser Thr Cys Gly Gly Leu Ser Ser Gly Gly Gly | 405 | 410 | 415 |      |
| gca ctg gct ggg cac ggc agt ggg ggt ggc gtt agt ggt tgc acc gga |     |     |     | 1296 |
| Ala Leu Ala Gly His Gly Ser Gly Gly Gly Val Ser Gly Ser Thr Gly | 420 | 425 | 430 |      |
| ctc ctg ggc tct ccg cac cac aag aag ctg cgg ttt caa ctg gcc aaa |     |     |     | 1344 |
| Leu Leu Gly Ser Pro His His Lys Lys Leu Arg Phe Gln Leu Ala Lys | 435 | 440 | 445 |      |
| gag aag aag gcc tcc acc act ctg ggc atc atc atg tgc gcc ttt acc |     |     |     | 1392 |
| Glu Lys Lys Ala Ser Thr Thr Leu Gly Ile Ile Met Ser Ala Phe Thr | 450 | 455 | 460 |      |
| gtc tgc tgg ctg cca ttc ttt atc ctg gcc cta att cgt cct ttc gag |     |     |     | 1440 |

10

20

30



Val Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile Leu Ala Leu Ile Arg Pro Phe Glu  
 465 470 475 480  
 aca atg cac gta ccg gca tcc ctc tcc tct cta ttc ctc tgg ctg ggc 1488  
 Thr Met His Val Pro Ala Ser Leu Ser Ser Leu Phe Leu Trp Leu Gly  
 485 490 495  
 tat gcc aac tcc ctg ctg aac cct att atc tac gcc act ctg aac agg 1536  
 Tyr Ala Asn Ser Leu Leu Asn Pro Ile Ile Tyr Ala Thr Leu Asn Arg  
 500 505 510  
 gat ttc cgc aaa ccc ttc cag gag atc ctc tac ttc cgc tgc tcc agc 1584  
 Asp Phe Arg Lys Pro Phe Gln Glu Ile Leu Tyr Phe Arg Cys Ser Ser  
 515 520 525  
 ctg aac acc atg atg cgg gag aac tac tac cag gat cag tat ggc gag 1632  
 Leu Asn Thr Met Met Arg Glu Asn Tyr Tyr Gln Asp Gln Tyr Gly Glu  
 530 535 540  
 cct ccc tcc cag cgg gtg atg ctg ggc gat gag agg cac ggg gcg agg 1680  
 Pro Pro Ser Gln Arg Val Met Leu Gly Asp Glu Arg His Gly Ala Arg  
 545 550 555 560  
 gag agc ttt ctc tag 1695  
 Glu Ser Phe Leu

10

<210> 94  
 <211> 564  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

20

<400> 94

Met Ala Leu Ser Gly Gln Asp Trp Arg Arg His Gln Ser His Arg Gln  
 1 5 10 15

His Arg Asn His Arg Thr Gln Gly Asn His Gln Lys Leu Ile Ser Thr  
 20 25 30

Ala Thr Leu Thr Leu Phe Val Leu Phe Leu Ser Ser Trp Ile Ala Tyr  
 35 40 45

Ala Ala Gly Lys Ala Thr Val Pro Ala Pro Leu Val Glu Gly Glu Thr  
 50 55 60

30

Glu Ser Ala Thr Ser Gln Asp Phe Asn Ser Ser Ser Ala Phe Leu Gly  
 65 70 75 80

Ala Ile Ala Ser Ala Ser Ser Thr Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser  
 85 90 95

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

10

20

30

Val Met Leu Phe Val Tyr Tyr Gln Ile Phe Arg Ala Ala Arg Arg Ile  
340 345 350

Val Leu Glu Glu Lys Arg Ala Gln Thr His Leu Gln Gln Ala Leu Asn  
355 360 365

Gly Thr Gly Ser Pro Ser Ala Pro Gln Ala Pro Pro Leu Gly His Thr  
370 375 380

Glu Leu Ala Ser Ser Gly Asn Gly Gln Arg His Ser Ser Val Gly Asn  
385 390 395 400

Thr Ser Leu Thr Tyr Ser Thr Cys Gly Gly Leu Ser Ser Gly Gly Gly  
405 410 415

Ala Leu Ala Gly His Gly Ser Gly Gly Gly Val Ser Gly Ser Thr Gly  
420 425 430

Leu Leu Gly Ser Pro His His Lys Lys Leu Arg Phe Gln Leu Ala Lys  
435 440 445

Glu Lys Lys Ala Ser Thr Thr Leu Gly Ile Ile Met Ser Ala Phe Thr  
450 455 460

Val Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile Leu Ala Leu Ile Arg Pro Phe Glu  
465 470 475 480

Thr Met His Val Pro Ala Ser Leu Ser Ser Leu Phe Leu Trp Leu Gly  
485 490 495

Tyr Ala Asn Ser Leu Leu Asn Pro Ile Ile Tyr Ala Thr Leu Asn Arg  
500 505 510

Asp Phe Arg Lys Pro Phe Gln Glu Ile Leu Tyr Phe Arg Cys Ser Ser  
515 520 525

Leu Asn Thr Met Met Arg Glu Asn Tyr Tyr Gln Asp Gln Tyr Gly Glu  
530 535 540

Pro Pro Ser Gln Arg Val Met Leu Gly Asp Glu Arg His Gly Ala Arg  
545 550 555 560

Glu Ser Phe Leu

10

20

30

<210> 95  
 <211> 2409  
 <212> DNA  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2409)  
 <223>

<400> 95  
 atg aat ttc aac tgg tgt gct ggg ctc ttt gtg gtc ttg gcc ttg gtt 48  
 Met Asn Phe Asn Trp Cys Ala Gly Leu Phe Val Val Leu Ala Leu Val  
 1 5 10 15  
 tcg ccg att tat tcc gcc tgc cca aag gaa aat caa gtg tgc ttg aga 96  
 Ser Pro Ile Tyr Ser Ala Cys Pro Lys Glu Asn Gln Val Cys Leu Arg  
 20 25 30  
 aac gga acg ttt cag tac tgt gat gga gag gaa cgt aat tca tcg gac 144  
 Asn Gly Thr Phe Gln Tyr Cys Asp Gly Glu Glu Arg Asn Ser Ser Asp  
 35 40 45  
 gaa ctt atg caa aca cat ctg gtt tac tgt acg tcc atg ttc tgc gag 192  
 Glu Leu Met Gln Thr His Leu Val Tyr Cys Thr Ser Met Phe Cys Glu  
 50 55 60  
 ccg gag gag ttt cag cac gac tac ata acg cgt aac cac gat caa aca 240  
 Pro Glu Glu Phe Gln His Asp Tyr Ile Thr Arg Asn His Asp Gln Thr  
 65 70 75 80  
 cct cac cag aac aag tgg aaa cgg gct aga atc ggc gaa cgt gcc gcc 288  
 Pro His Gln Asn Lys Trp Lys Arg Ala Arg Ile Gly Glu Arg Ala Ala  
 85 90 95  
 ctg cac gat gtt tgc ctt ctg cga aac gga atg ccg gtc acc agg gag 336  
 Leu His Asp Val Cys Leu Leu Arg Asn Gly Met Pro Val Thr Arg Glu  
 100 105 110  
 tgc aga gtg aag gac aac cga gcc aac tgg gag tcc acc gaa cac tgg 384  
 Cys Arg Val Lys Asp Asn Arg Ala Asn Trp Glu Ser Thr Glu His Trp  
 115 120 125  
 gat ccc gtg gtg tgt ttg agg cga ttc agg gag cac acg atc agc ggt 432  
 Asp Pro Val Val Cys Leu Arg Arg Phe Arg Glu His Thr Ile Ser Gly  
 130 135 140  
 gac ttg aat agc ctg cat gac gac gtt ctc gag ggc agg agg cgc acc 480  
 Asp Leu Asn Ser Leu His Asp Asp Val Leu Glu Gly Arg Arg Arg Thr  
 145 150 155 160  
 aat gac acc cag ggg cgt cgt gag atg act ggc ata atg agg aac atg 528  
 Asn Asp Thr Gln Gly Arg Arg Glu Met Thr Gly Ile Met Arg Asn Met  
 165 170 175  
 ttc cga cag aga ggt ggg aat ctt cta ccc gcc gat gtt cac atg acc 576  
 Phe Arg Gln Arg Gly Gly Asn Leu Leu Pro Ala Asp Val His Met Thr

10

20

30

| 180                                                                                                                                                   | 185 | 190 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| gga caa atg ttc ggc gcc ctg atg cag cag gac aag gat gcc acg gtc<br>Gly Gln Met Phe Gly Ala Leu Met Gln Gln Asp Lys Asp Ala Thr Val<br>195 200 205     |     |     | 624  |
| agt gtg gac ttg gtc agt gtc tgc aag gag ata atg tcc tgc gac agt<br>Ser Val Asp Leu Val Ser Val Cys Lys Glu Ile Met Ser Cys Asp Ser<br>210 215 220     |     |     | 672  |
| aag gtt ctt aga tta tca gct cag ctc aac gct acc aat tcc ctg ctc<br>Lys Val Leu Arg Leu Ser Ala Gln Leu Asn Ala Thr Asn Ser Leu Leu<br>225 230 235 240 |     |     | 720  |
| agc cag ttc gaa agc tac atg gat gct ctt ccg gag caa ctg gtt ccc<br>Ser Gln Phe Glu Ser Tyr Met Asp Ala Leu Pro Glu Gln Leu Val Pro<br>245 250 255     |     |     | 768  |
| aag gac aga tgc ggc aag gtg gtg gcc aag ccg acc agt gat gaa gca<br>Lys Asp Arg Cys Gly Lys Val Val Ala Lys Pro Thr Ser Asp Glu Ala<br>260 265 270     |     |     | 816  |
| gaa acg gcc act act gga gtg gaa acg tac aac ttc tca gat atc ggt<br>Glu Thr Ala Thr Thr Gly Val Glu Thr Tyr Asn Phe Ser Asp Ile Gly<br>275 280 285     |     |     | 864  |
| gtc caa gct ctg att acc ggc aat atc agc gtg ttc ttc gcc aac ccc<br>Val Gln Ala Leu Ile Thr Gly Asn Ile Ser Val Phe Phe Ala Asn Pro<br>290 295 300     |     |     | 912  |
| gaa tgc gat cgc ata act gga tta gct ata ttc tct gcg cca ggg gat<br>Glu Cys Asp Arg Ile Thr Gly Leu Ala Ile Phe Ser Ala Pro Gly Asp<br>305 310 315 320 |     |     | 960  |
| caa cga aag act tcc gcc agt ggc ttc tgg tac cgc ttc att cga ttc<br>Gln Arg Lys Thr Ser Ala Ser Gly Phe Trp Tyr Arg Phe Ile Arg Phe<br>325 330 335     |     |     | 1008 |
| tcc gaa gac ttg gct aag gtc aag gag gaa tct aat ctg gag aca gct<br>Ser Glu Asp Leu Ala Lys Val Lys Glu Glu Ser Asn Leu Glu Thr Ala<br>340 345 350     |     |     | 1056 |
| gca ttt ttg ccg gag aat ctc tgg cgg caa gtg aaa agc agg gga gca<br>Ala Phe Leu Pro Glu Asn Leu Trp Arg Gln Val Lys Ser Arg Gly Ala<br>355 360 365     |     |     | 1104 |
| acc tat ctc atc ttt aaa gtc tat gcc cac gat gct ctg ttc gtg gaa<br>Thr Tyr Leu Ile Phe Lys Val Tyr Ala His Asp Ala Leu Phe Val Glu<br>370 375 380     |     |     | 1152 |
| acc tca ttg caa cgc act cgt aag ccg cgc agc aaa gta atc tcc att<br>Thr Ser Leu Gln Arg Thr Arg Lys Pro Arg Ser Lys Val Ile Ser Ile<br>385 390 395 400 |     |     | 1200 |
| tca ata cca gga ctg aga agc aat tat ctc tct ctg cca ctg ccc ttt<br>Ser Ile Pro Gly Leu Arg Ser Asn Tyr Leu Ser Leu Pro Leu Pro Phe<br>405 410 415     |     |     | 1248 |
| ctt ctg cgt aat gaa aat ctt cgc aat ccg gat tca aag gcc ttt agc                                                                                       |     |     | 1296 |

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Leu | Leu | Arg | Asn | Glu | Asn | Leu | Arg | Asn | Pro | Asp | Ser | Lys | Ala | Phe | Ser |      |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |      |  |
| att | ggg | agt | gga | tgc | gga | tat | tgg | aac | tat | gaa | acc | tgg | tca | act | gag | 1344 |  |
| Ile | Gly | Ser | Gly | Cys | Gly | Tyr | Trp | Asn | Tyr | Glu | Thr | Trp | Ser | Thr | Glu |      |  |
|     |     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |  |
| gga | gta | agc | act | gaa | agc | agt | tgc | gac | ctc | ttg | aag | gat | gcc | atc | atc | 1392 |  |
| Gly | Val | Ser | Thr | Glu | Ser | Ser | Ser | Asp | Leu | Leu | Lys | Asp | Ala | Ile | Ile |      |  |
|     |     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |      |  |
| gag | tgc | cac | act | aac | cac | ctc | aca | cag | ttt | gca | ttc | ctg | gtg | ggg | gga | 1440 |  |
| Glu | Cys | His | Thr | Asn | His | Leu | Thr | Gln | Phe | Ala | Phe | Leu | Val | Gly | Gly |      |  |
|     |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |      |  |
| agc | tat | cga | gcc | aac | gac | ctt | ggc | gag | gag | att | cta | att | act | ccg | att | 1488 |  |
| Ser | Tyr | Arg | Ala | Asn | Asp | Leu | Gly | Glu | Glu | Ile | Leu | Ile | Thr | Pro | Ile |      |  |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     |     | 495 |      |  |
| aat | gag | aaa | gtg | ctg | gac | att | atc | tgc | ata | gtg | ggc | tgc | agt | ctt | tcc | 1536 |  |
| Asn | Glu | Lys | Val | Leu | Asp | Ile | Ile | Ser | Ile | Val | Gly | Cys | Ser | Leu | Ser |      |  |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |      |  |
| ctt | ttg | ggg | ata | ctg | gga | ata | ttc | ctc | act | gcc | gca | ctc | ttc | aaa | agc | 1584 |  |
| Leu | Leu | Gly | Ile | Leu | Gly | Ile | Phe | Leu | Thr | Ala | Ala | Leu | Phe | Lys | Ser |      |  |
|     |     |     | 515 |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |      |  |
| tgg | cgc | agt | cag | gcc | tcc | acg | aag | gtc | tta | ctg | cat | ctt | tgc | ctg | gct | 1632 |  |
| Trp | Arg | Ser | Gln | Ala | Ser | Thr | Lys | Val | Leu | Leu | His | Leu | Cys | Leu | Ala |      |  |
|     |     |     | 530 |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |      |  |
| atg | tgt | ctc | cag | atg | atg | ctc | ttc | gtg | ttt | ctc | aat | aca | gat | gac | gta | 1680 |  |
| Met | Cys | Leu | Gln | Met | Met | Leu | Phe | Val | Phe | Leu | Asn | Thr | Asp | Asp | Val |      |  |
|     |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |      |  |
| tcc | gaa | gcg | cta | gtt | gtg | aat | gga | aac | aca | gtt | cgc | tgt | gtg | gct | ctg | 1728 |  |
| Ser | Glu | Ala | Leu | Val | Val | Asn | Gly | Asn | Thr | Val | Arg | Cys | Val | Ala | Leu |      |  |
|     |     |     |     | 565 |     |     |     | 570 |     |     |     |     |     | 575 |     |      |  |
| ggc | gct | gcc | atg | cag | tac | tcc | att | ctg | gtt | ctc | ttc | agt | tgg | atg | cta | 1776 |  |
| Gly | Ala | Ala | Met | Gln | Tyr | Ser | Ile | Leu | Val | Leu | Phe | Ser | Trp | Met | Leu |      |  |
|     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |      |  |
| atc | att | gcc | ttc | ctg | cag | ttc | cag | cgt | tac | gtc | aca | gtt | atc | gga | atc | 1824 |  |
| Ile | Ile | Ala | Phe | Leu | Gln | Phe | Gln | Arg | Tyr | Val | Thr | Val | Ile | Gly | Ile |      |  |
|     |     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |      |  |
| gag | aga | cca | cca | cgc | tat | atc | ctg | aag | gcc | gcc | att | gtg | gcc | tgg | cta | 1872 |  |
| Glu | Arg | Pro | Pro | Arg | Tyr | Ile | Leu | Lys | Ala | Ala | Ile | Val | Ala | Trp | Leu |      |  |
|     |     |     | 610 |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |      |  |
| ctg | ccc | ttg | gtc | ccc | acc | ctg | ctg | gtg | gcc | ctt | ata | gat | ccc | gat | tgc | 1920 |  |
| Leu | Pro | Leu | Val | Pro | Thr | Leu | Leu | Val | Ala | Leu | Ile | Asp | Pro | Asp | Ser |      |  |
|     |     |     |     |     | 630 |     |     |     | 635 |     |     |     |     |     | 640 |      |  |
| tac | gtc | ccc | tgc | gct | gcc | caa | ctt | tcc | acg | gac | act | ggc | atc | tgc | tat | 1968 |  |
| Tyr | Val | Pro | Ser | Ala | Ala | Gln | Leu | Ser | Thr | Asp | Thr | Gly | Ile | Cys | Tyr |      |  |
|     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |      |  |

10

20

30

cca tcg ggc tat ggt ctc att ttt ggg gtg gtg ctc cct gtg acc ttg 2016  
 Pro Ser Gly Tyr Gly Leu Ile Phe Gly Val Val Leu Pro Val Thr Leu  
 660 665 670  
 att act gtg tgc aac ttg gtg ata ttc gtg tat gtt ttc tac agc atc 2064  
 Ile Thr Val Cys Asn Leu Val Ile Phe Val Tyr Val Phe Tyr Ser Ile  
 675 680 685  
 tcg cac tct ttg agc cag agc atc cat aaa aac gaa aag aaa atg gtg 2112  
 Ser His Ser Leu Ser Gln Ser Ile His Lys Asn Glu Lys Lys Met Val  
 690 695 700  
 gtt aag cag atc cga ctc tcc ata atg ctc ttc ttt ttg ctg gga ctt 2160  
 Val Lys Gln Ile Arg Leu Ser Ile Met Leu Phe Phe Leu Leu Gly Leu  
 705 710 715 720  
 acc tgg atc ttt gga ata ttc gcc ttc atg cag gca ggt gtg gct ttt 2208  
 Thr Trp Ile Phe Gly Ile Phe Ala Phe Met Gln Ala Gly Val Ala Phe  
 725 730 735  
 tca tac ctc ttc tgc atc acg gcc act atg cag gga ttt gtg atg ttc 2256  
 Ser Tyr Leu Phe Cys Ile Thr Ala Thr Met Gln Gly Phe Val Met Phe  
 740 745 750  
 att tac ttt gtc ctc ttg gac tcc acg aac cgt cgg ctg tgg gtg ggt 2304  
 Ile Tyr Phe Val Leu Leu Asp Ser Thr Asn Arg Arg Leu Trp Val Gly  
 755 760 765  
 ctg att tgc ccc acc aag atg gag ctg gat gtc caa aag cgc acc act 2352  
 Leu Ile Cys Pro Thr Lys Met Glu Leu Asp Val Gln Lys Arg Thr Thr  
 770 775 780  
 gag ctc cag tcg atg acc acc tca tcc acc aac tac aac agc aga tca 2400  
 Glu Leu Gln Ser Met Thr Thr Ser Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Arg Ser  
 785 790 795 800  
 cat cag tag 2409  
 His Gln

<210> 96  
 <211> 802  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <400> 96

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

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

10

20

30



Val Gln Ala Leu Ile Thr Gly Asn Ile Ser Val Phe Phe Ala Asn Pro  
 290 295 300  
 Glu Cys Asp Arg Ile Thr Gly Leu Ala Ile Phe Ser Ala Pro Gly Asp  
 305 310 315 320  
 Gln Arg Lys Thr Ser Ala Ser Gly Phe Trp Tyr Arg Phe Ile Arg Phe  
 325 330 335  
 Ser Glu Asp Leu Ala Lys Val Lys Glu Glu Ser Asn Leu Glu Thr Ala  
 340 345 350  
 Ala Phe Leu Pro Glu Asn Leu Trp Arg Gln Val Lys Ser Arg Gly Ala  
 355 360 365  
 Thr Tyr Leu Ile Phe Lys Val Tyr Ala His Asp Ala Leu Phe Val Glu  
 370 375 380  
 Thr Ser Leu Gln Arg Thr Arg Lys Pro Arg Ser Lys Val Ile Ser Ile  
 385 390 395 400  
 Ser Ile Pro Gly Leu Arg Ser Asn Tyr Leu Ser Leu Pro Leu Pro Phe  
 405 410 415  
 Leu Leu Arg Asn Glu Asn Leu Arg Asn Pro Asp Ser Lys Ala Phe Ser  
 420 425 430  
 Ile Gly Ser Gly Cys Gly Tyr Trp Asn Tyr Glu Thr Trp Ser Thr Glu  
 435 440 445  
 Gly Val Ser Thr Glu Ser Ser Ser Asp Leu Leu Lys Asp Ala Ile Ile  
 450 455 460  
 Glu Cys His Thr Asn His Leu Thr Gln Phe Ala Phe Leu Val Gly Gly  
 465 470 475 480  
 Ser Tyr Arg Ala Asn Asp Leu Gly Glu Glu Ile Leu Ile Thr Pro Ile  
 485 490 495  
 Asn Glu Lys Val Leu Asp Ile Ile Ser Ile Val Gly Cys Ser Leu Ser  
 500 505 510  
 Leu Leu Gly Ile Leu Gly Ile Phe Leu Thr Ala Ala Leu Phe Lys Ser

10

20

30

515                      520                      525  
 Trp Arg Ser Gln Ala Ser Thr Lys Val Leu Leu His Leu Cys Leu Ala  
     530                      535                      540  
 Met Cys Leu Gln Met Met Leu Phe Val Phe Leu Asn Thr Asp Asp Val  
     545                      550                      555                      560  
 Ser Glu Ala Leu Val Val Asn Gly Asn Thr Val Arg Cys Val Ala Leu  
                                  565                      570                      575  
 Gly Ala Ala Met Gln Tyr Ser Ile Leu Val Leu Phe Ser Trp Met Leu  
                                  580                      585                      590  
 Ile Ile Ala Phe Leu Gln Phe Gln Arg Tyr Val Thr Val Ile Gly Ile  
                                  595                      600                      605  
 Glu Arg Pro Pro Arg Tyr Ile Leu Lys Ala Ala Ile Val Ala Trp Leu  
     610                      615                      620  
 Leu Pro Leu Val Pro Thr Leu Leu Val Ala Leu Ile Asp Pro Asp Ser  
     625                      630                      635                      640  
 Tyr Val Pro Ser Ala Ala Gln Leu Ser Thr Asp Thr Gly Ile Cys Tyr  
                                  645                      650                      655  
 Pro Ser Gly Tyr Gly Leu Ile Phe Gly Val Val Leu Pro Val Thr Leu  
                                  660                      665                      670  
 Ile Thr Val Cys Asn Leu Val Ile Phe Val Tyr Val Phe Tyr Ser Ile  
                                  675                      680                      685  
 Ser His Ser Leu Ser Gln Ser Ile His Lys Asn Glu Lys Lys Met Val  
     690                      695                      700  
 Val Lys Gln Ile Arg Leu Ser Ile Met Leu Phe Phe Leu Leu Gly Leu  
     705                      710                      715                      720  
 Thr Trp Ile Phe Gly Ile Phe Ala Phe Met Gln Ala Gly Val Ala Phe  
                                  725                      730                      735  
 Ser Tyr Leu Phe Cys Ile Thr Ala Thr Met Gln Gly Phe Val Met Phe  
                                  740                      745                      750

10

20

30

Ile Tyr Phe Val Leu Leu Asp Ser Thr Asn Arg Arg Leu Trp Val Gly  
755 760 765

Leu Ile Cys Pro Thr Lys Met Glu Leu Asp Val Gln Lys Arg Thr Thr  
770 775 780

Glu Leu Gln Ser Met Thr Thr Ser Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Arg Ser  
785 790 795 800

His Gln

<210> 97  
<211> 2495  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2493)  
<223>

<400> 97  
atg gaa aag cac ccg aat ctg tcc cag cgg atg ggt acc act tac cgt 48  
Met Glu Lys His Pro Asn Leu Ser Gln Arg Met Gly Thr Thr Tyr Arg  
1 5 10 15  
ccg agg aag ggt ctg aag tgt ctg tca ttc gag ttc cag tgc cgc ctg 96  
Pro Arg Lys Gly Leu Lys Cys Leu Ser Phe Glu Phe Gln Cys Arg Leu  
20 25 30  
ctt ctc cac cat ctg ctg cta acg tcc ctg agt ggc cgg cat tgc gta 144  
Leu Leu His His Leu Leu Leu Ser Leu Ser Gly Arg His Cys Val  
35 40 45  
tac gcc acg agt gcc gtc ggg ggg gcg ctg agt gcc aac aac tgt cac 192  
Tyr Ala Thr Ser Ala Val Gly Gly Ala Leu Ser Ala Asn Asn Cys His  
50 55 60  
gac atc cac cac gga ttc gat gtc tac ccc aat ctc acg gcc gta tgc 240  
Asp Ile His His Gly Phe Asp Val Tyr Pro Asn Leu Thr Ala Val Ser  
65 70 75 80  
ctg gct caa tgc acg gac acg ccc ctg acc gcg acg atg cca cgg tcc 288  
Leu Ala Gln Ser Thr Asp Thr Pro Leu Thr Ala Thr Met Pro Arg Ser  
85 90 95  
gcc tgg aag tgt tgt tgc tgg aat gca agt aat caa gcg gag gag gtg 336  
Ala Trp Lys Cys Cys Cys Trp Asn Ala Ser Asn Gln Ala Glu Glu Val  
100 105 110  
gag tgc cgc tgc gag ggc gat gga ctg aat cgc gta ccg caa acc ctg 384  
Glu Cys Arg Cys Glu Gly Asp Gly Leu Asn Arg Val Pro Gln Thr Leu  
115 120 125

10

20

30

acg ctg ccc ata cag cgt cta act atc gca tcc gcg ggg ctg cca cgc 432  
 Thr Leu Pro Ile Gln Arg Leu Thr Ile Ala Ser Ala Gly Leu Pro Arg  
 130 135 140

cta cgc cac acg ggg ctg aag gtc tac ggg tcc acg ttg ctg gat gtg 480  
 Leu Arg His Thr Gly Leu Lys Val Tyr Gly Ser Thr Leu Leu Asp Val  
 145 150 155 160

gcc ttc acc gac tgc ctg cag ctg gaa ctg ata cag gat ggc gct ttt 528  
 Ala Phe Thr Asp Cys Leu Gln Leu Glu Leu Ile Gln Asp Gly Ala Phe  
 165 170 175

gct aat tta acc cta ttg cga aca atc tac atc acc aac gca ccc aag 576  
 Ala Asn Leu Thr Leu Leu Arg Thr Ile Tyr Ile Thr Asn Ala Pro Lys  
 180 185 190

ctg act ttc ctc tcg aag gac gta ttc ctt ggc att tcg gac acc gtg 624  
 Leu Thr Phe Leu Ser Lys Asp Val Phe Leu Gly Ile Ser Asp Thr Val  
 195 200 205

gac att ata cga atc ata aat agt ggc ctg acc aga gtt cct gac ttg 672  
 Asp Ile Ile Arg Ile Ile Asn Ser Gly Leu Thr Arg Val Pro Asp Leu  
 210 215 220

ggc cac ctg cca cct cat aat att ctg caa atg ata gat ctc gat aac 720  
 Gly His Leu Pro Pro His Asn Ile Leu Gln Met Ile Asp Leu Asp Asn  
 225 230 235 240

aat caa atc act cgg ata gac agt aaa tct ata aaa gta aag act gcc 768  
 Asn Gln Ile Thr Arg Ile Asp Ser Lys Ser Ile Lys Val Lys Thr Ala  
 245 250 255

caa tta att ttg aca aac aat gaa ata agc tac gtt gat gac tcc gct 816  
 Gln Leu Ile Leu Thr Asn Asn Glu Ile Ser Tyr Val Asp Asp Ser Ala  
 260 265 270

ttc ttc ggc tcc aag ata gcc aaa cta tcg ctg aag gaa aac aaa aaa 864  
 Phe Phe Gly Ser Lys Ile Ala Lys Leu Ser Leu Lys Glu Asn Lys Lys  
 275 280 285

ctg caa atg atg cat ccc aac gca ttc gat ggc atc ata gac ata act 912  
 Leu Gln Met Met His Pro Asn Ala Phe Asp Gly Ile Ile Asp Ile Thr  
 290 295 300

gaa ctc gat ctc tcc agc acc tcg tta gtt ggc ctt cct tct gcc gga 960  
 Glu Leu Asp Leu Ser Ser Thr Ser Leu Val Gly Leu Pro Ser Ala Gly  
 305 310 315 320

ctt cag aac atc gaa gcg ttg tac att cag aac acc cac act tta aag 1008  
 Leu Gln Asn Ile Glu Ala Leu Tyr Ile Gln Asn Thr His Thr Leu Lys  
 325 330 335

acc ata cca tcc atc tac aac ttc cgg aat ctg cag agg gcc tat ctc 1056  
 Thr Ile Pro Ser Ile Tyr Asn Phe Arg Asn Leu Gln Arg Ala Tyr Leu  
 340 345 350

acc cac tcc ttc cac tgc tgc gcc ttc cag ttt cca tct cgg cac gat 1104  
 Thr His Ser Phe His Cys Cys Ala Phe Gln Phe Pro Ser Arg His Asp  
 355 360 365

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| cct cag cga cac gcc cag cgg atg ctg gag att gag aaa tgg cgg aag<br>Pro Gln Arg His Ala Gln Arg Met Leu Glu Ile Glu Lys Trp Arg Lys<br>370 375 380     | 1152 |
| cag tgc aaa agt gac tcc gga acg cga aag gag aga tca acc ttg gat<br>Gln Cys Lys Ser Asp Ser Gly Thr Arg Lys Glu Arg Ser Thr Leu Asp<br>385 390 395 400 | 1200 |
| aac ccc ttc aat atg cca gaa gat ttt ggt tct ttc ggt ggc acc gac<br>Asn Pro Phe Asn Met Pro Glu Asp Phe Gly Ser Phe Gly Gly Thr Asp<br>405 410 415     | 1248 |
| gac tca gca aca gat ata acc ccc atc act ttt gct tcc ttc gat tac<br>Asp Ser Ala Thr Asp Ile Thr Pro Ile Thr Phe Ala Ser Phe Asp Tyr<br>420 425 430     | 1296 |
| atg gcc gat gac acc atg aac aag ggc act ttt cac gaa aag atc atc<br>Met Ala Asp Asp Thr Met Asn Lys Gly Thr Phe His Glu Lys Ile Ile<br>435 440 445     | 1344 |
| ctg aat ccg ggt gat gac tcc tcg gcc gaa ctt tgc ggc aat ttt act<br>Leu Asn Pro Gly Asp Asp Ser Ser Ala Glu Leu Cys Gly Asn Phe Thr<br>450 455 460     | 1392 |
| ttc aga aaa ccc aat att gaa tgc tat ccc atg ccc aat gat cta aat<br>Phe Arg Lys Pro Asn Ile Glu Cys Tyr Pro Met Pro Asn Asp Leu Asn<br>465 470 475 480 | 1440 |
| cct tgc gag gat gta atg ggc tat caa tgg ctg cgt att tcc gtc tgg<br>Pro Cys Glu Asp Val Met Gly Tyr Gln Trp Leu Arg Ile Ser Val Trp<br>485 490 495     | 1488 |
| att gtg gtg gct ctg gcc gtc gcg ggc aac gtg gct gtg ctg aca gta<br>Ile Val Val Ala Leu Ala Val Ala Gly Asn Val Ala Val Leu Thr Val<br>500 505 510     | 1536 |
| ata cta tgc att agg ccg gag tgc acg ccg gtg ccg cga ttt ctg atg<br>Ile Leu Ser Ile Arg Pro Glu Ser Thr Pro Val Pro Arg Phe Leu Met<br>515 520 525     | 1584 |
| tgc cac ctg gcc ttc gcc gac ctg tgc ttg ggc ctc tat ctg ctg ctg<br>Cys His Leu Ala Phe Ala Asp Leu Cys Leu Gly Leu Tyr Leu Leu Leu<br>530 535 540     | 1632 |
| gtg gcc tgc atc gat gcg cat tcc atg ggg gag tat ttc aat ttc gct<br>Val Ala Cys Ile Asp Ala His Ser Met Gly Glu Tyr Phe Asn Phe Ala<br>545 550 555 560 | 1680 |
| tac gat tgg cag tac ggg ctt ggc tgc aaa gta gcc ggc ttt ctc acc<br>Tyr Asp Trp Gln Tyr Gly Leu Gly Cys Lys Val Ala Gly Phe Leu Thr<br>565 570 575     | 1728 |
| gtg ttc gcc agt cat ttg tgc gtg ttc acg ctg acc gtg att acc atc<br>Val Phe Ala Ser His Leu Ser Val Phe Thr Leu Thr Val Ile Thr Ile<br>580 585 590     | 1776 |
| gag cgc tgg ctg gca atc acg cag gcc atg tac ctg aac cat cgc atc<br>Glu Arg Trp Leu Ala Ile Thr Gln Ala Met Tyr Leu Asn His Arg Ile                    | 1824 |

10

20

30

| 595                                                                                                                                                   | 600 | 605 |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| aag ttg cgt cct gca gcg ctc atc atg ctg ggc ggc tgg att tac tcg<br>Lys Leu Arg Pro Ala Ala Leu Ile Met Leu Gly Gly Trp Ile Tyr Ser<br>610 615 620     |     |     | 1872 |
| atg ctt atg tcc tcg ctg ccc ctg ttt ggc ata agt aat tat tcg tcg<br>Met Leu Met Ser Ser Leu Pro Leu Phe Gly Ile Ser Asn Tyr Ser Ser<br>625 630 635 640 |     |     | 1920 |
| acg agc att tgc ctt ccg atg gag aat cgc gat gtg tac gac acc att<br>Thr Ser Ile Cys Leu Pro Met Glu Asn Arg Asp Val Tyr Asp Thr Ile<br>645 650 655     |     |     | 1968 |
| tac ctg att gcc att ctg ggc tcc aat gga gta gcc ttc tcc atc ata<br>Tyr Leu Ile Ala Ile Leu Gly Ser Asn Gly Val Ala Phe Ser Ile Ile<br>660 665 670     |     |     | 2016 |
| gcc gtc tgc tat gcc cag atc tat ttg tcc ttg ggt cgc gag aca cgg<br>Ala Val Cys Tyr Ala Gln Ile Tyr Leu Ser Leu Gly Arg Glu Thr Arg<br>675 680 685     |     |     | 2064 |
| cag gcc cac cag aat agt ccg ggc gag ttg agc gtt gcc aag aag atg<br>Gln Ala His Gln Asn Ser Pro Gly Glu Leu Ser Val Ala Lys Lys Met<br>690 695 700     |     |     | 2112 |
| gcc ctt ttg gtc ttt aca aac ttt gcg tgc tgg tcg cct att gcc ttc<br>Ala Leu Leu Val Phe Thr Asn Phe Ala Cys Trp Ser Pro Ile Ala Phe<br>705 710 715 720 |     |     | 2160 |
| ttt gga ctc acc gcg ttg gcc gga tac cca ctg att aat gtt acc aag<br>Phe Gly Leu Thr Ala Leu Ala Gly Tyr Pro Leu Ile Asn Val Thr Lys<br>725 730 735     |     |     | 2208 |
| tcg aag ata ttg cta gtc ttc ttc tat ccc ttg aat tcc tgc gcg gat<br>Ser Lys Ile Leu Leu Val Phe Phe Tyr Pro Leu Asn Ser Cys Ala Asp<br>740 745 750     |     |     | 2256 |
| ccc tat ctg tat gcc ata ttg acg tcc cag tat cgc cag gat ctg ttc<br>Pro Tyr Leu Tyr Ala Ile Leu Thr Ser Gln Tyr Arg Gln Asp Leu Phe<br>755 760 765     |     |     | 2304 |
| acc ttg ttg tcc aaa ttg ggc ctg tgc cag cag agc gct ctg aag tac<br>Thr Leu Leu Ser Lys Leu Gly Leu Cys Gln Gln Ser Ala Leu Lys Tyr<br>770 775 780     |     |     | 2352 |
| aag gat agc ctt tcc ggc caa gcc acc acc aga ttt aca atc cac ggc<br>Lys Asp Ser Leu Ser Gly Gln Ala Thr Thr Arg Phe Thr Ile His Gly<br>785 790 795 800 |     |     | 2400 |
| tcc att cag agg cac agc tca ctc acg tgc aaa atg cag act gtg atg<br>Ser Ile Gln Arg His Ser Ser Leu Thr Cys Lys Met Gln Thr Val Met<br>805 810 815     |     |     | 2448 |
| ggc gct gag acg cag aaa atg ctg aag aac agc gag gat tat gtt ta<br>Gly Ala Glu Thr Gln Lys Met Leu Lys Asn Ser Glu Asp Tyr Val<br>820 825 830          |     |     | 2495 |

10

20

30

<210> 98  
 <211> 831  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*

<400> 98

Met Glu Lys His Pro Asn Leu Ser Gln Arg Met Gly Thr Thr Tyr Arg  
 1 5 10 15

Pro Arg Lys Gly Leu Lys Cys Leu Ser Phe Glu Phe Gln Cys Arg Leu  
 20 25 30

Leu Leu His His Leu Leu Leu Thr Ser Leu Ser Gly Arg His Cys Val  
 35 40 45

10

Tyr Ala Thr Ser Ala Val Gly Gly Ala Leu Ser Ala Asn Asn Cys His  
 50 55 60

Asp Ile His His Gly Phe Asp Val Tyr Pro Asn Leu Thr Ala Val Ser  
 65 70 75 80

Leu Ala Gln Ser Thr Asp Thr Pro Leu Thr Ala Thr Met Pro Arg Ser  
 85 90 95

Ala Trp Lys Cys Cys Cys Trp Asn Ala Ser Asn Gln Ala Glu Glu Val  
 100 105 110

20

Glu Cys Arg Cys Glu Gly Asp Gly Leu Asn Arg Val Pro Gln Thr Leu  
 115 120 125

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

Leu Arg His Thr Gly Leu Lys Val Tyr Gly Ser Thr Leu Leu Asp Val  
 145 150 155 160

Ala Phe Thr Asp Cys Leu Gln Leu Glu Leu Ile Gln Asp Gly Ala Phe  
 165 170 175

30

Ala Asn Leu Thr Leu Leu Arg Thr Ile Tyr Ile Thr Asn Ala Pro Lys  
 180 185 190

Leu Thr Phe Leu Ser Lys Asp Val Phe Leu Gly Ile Ser Asp Thr Val  
 195 200 205

Asp Ile Ile Arg Ile Ile Asn Ser Gly Leu Thr Arg Val Pro Asp Leu  
 210 215 220  
 Gly His Leu Pro Pro His Asn Ile Leu Gln Met Ile Asp Leu Asp Asn  
 225 230 235 240  
 Asn Gln Ile Thr Arg Ile Asp Ser Lys Ser Ile Lys Val Lys Thr Ala  
 245 250 255  
 Gln Leu Ile Leu Thr Asn Asn Glu Ile Ser Tyr Val Asp Asp Ser Ala  
 260 265 270  
 Phe Phe Gly Ser Lys Ile Ala Lys Leu Ser Leu Lys Glu Asn Lys Lys  
 275 280 285  
 Leu Gln Met Met His Pro Asn Ala Phe Asp Gly Ile Ile Asp Ile Thr  
 290 295 300  
 Glu Leu Asp Leu Ser Ser Thr Ser Leu Val Gly Leu Pro Ser Ala Gly  
 305 310 315 320  
 Leu Gln Asn Ile Glu Ala Leu Tyr Ile Gln Asn Thr His Thr Leu Lys  
 325 330 335  
 Thr Ile Pro Ser Ile Tyr Asn Phe Arg Asn Leu Gln Arg Ala Tyr Leu  
 340 345 350  
 Thr His Ser Phe His Cys Cys Ala Phe Gln Phe Pro Ser Arg His Asp  
 355 360 365  
 Pro Gln Arg His Ala Gln Arg Met Leu Glu Ile Glu Lys Trp Arg Lys  
 370 375 380  
 Gln Cys Lys Ser Asp Ser Gly Thr Arg Lys Glu Arg Ser Thr Leu Asp  
 385 390 395 400  
 Asn Pro Phe Asn Met Pro Glu Asp Phe Gly Ser Phe Gly Gly Thr Asp  
 405 410 415  
 Asp Ser Ala Thr Asp Ile Thr Pro Ile Thr Phe Ala Ser Phe Asp Tyr  
 420 425 430  
 Met Ala Asp Asp Thr Met Asn Lys Gly Thr Phe His Glu Lys Ile Ile  
 435 440 445

10

20

30



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

10

20

30

Gln Ala His Gln Asn Ser Pro Gly Glu Leu Ser Val Ala Lys Lys Met  
690 695 700

Ala Leu Leu Val Phe Thr Asn Phe Ala Cys Trp Ser Pro Ile Ala Phe  
705 710 715 720

Phe Gly Leu Thr Ala Leu Ala Gly Tyr Pro Leu Ile Asn Val Thr Lys  
725 730 735

Ser Lys Ile Leu Leu Val Phe Phe Tyr Pro Leu Asn Ser Cys Ala Asp  
740 745 750

Pro Tyr Leu Tyr Ala Ile Leu Thr Ser Gln Tyr Arg Gln Asp Leu Phe  
755 760 765

Thr Leu Leu Ser Lys Leu Gly Leu Cys Gln Gln Ser Ala Leu Lys Tyr  
770 775 780

Lys Asp Ser Leu Ser Gly Gln Ala Thr Thr Arg Phe Thr Ile His Gly  
785 790 795 800

Ser Ile Gln Arg His Ser Ser Leu Thr Cys Lys Met Gln Thr Val Met  
805 810 815

Gly Ala Glu Thr Gln Lys Met Leu Lys Asn Ser Glu Asp Tyr Val  
820 825 830

<210> 99  
<211> 2268  
<212> DNA  
<213> Drosophila melanogaster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(2268)  
<223>

<400> 99  
atg ctg ctg ttt ctc tgg tgg att gct ggc tat ata ata ctc gta tct 48  
Met Leu Leu Phe Leu Trp Trp Ile Ala Gly Tyr Ile Ile Leu Val Ser  
1 5 10 15

gga ggt atg aat ccc ccc ctg tac gcc ctg gat cag ccg aat gtg gcc 96  
Gly Gly Met Asn Pro Pro Leu Tyr Ala Leu Asp Gln Pro Asn Val Ala  
20 25 30

cgg tgt ctg gac tac tgc cac ctg aag aac ttg cgc ttc ctc ctc tgc 144  
Arg Cys Leu Asp Tyr Cys His Leu Lys Asn Leu Arg Phe Leu Leu Cys

10

20

30

| 35                                                                                                                                                    | 40 | 45 |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----|-----|
| gtg gat gca gat ggt cag ctg tcg cac aat ccc tac aag gac tgc aac<br>Val Asp Ala Asp Gly Gln Leu Ser His Asn Pro Tyr Lys Asp Cys Asn<br>50 55 60        |    |    | 192 |
| cga gga ttc tgc aag gcc gag gaa ttt gaa ctg gaa tac gaa acg gat<br>Arg Gly Phe Cys Lys Ala Glu Glu Phe Glu Leu Glu Tyr Glu Thr Asp<br>65 70 75 80     |    |    | 240 |
| gaa ggc aag gaa aag cga atc aat cgc gtg gag aaa acg aga gtt ggg<br>Glu Gly Lys Glu Lys Arg Ile Asn Arg Val Glu Lys Thr Arg Val Gly<br>85 90 95        |    |    | 288 |
| caa aag gca aat cta agg gat cta tgt ctg aac gaa cgg gga att ccc<br>Gln Lys Ala Asn Leu Arg Asp Leu Cys Leu Asn Glu Arg Gly Ile Pro<br>100 105 110     |    |    | 336 |
| atc cga cgg agg tgc caa att cgc aat ggg aat aga gtt tgg cag agc<br>Ile Arg Arg Arg Cys Gln Ile Arg Asn Gly Asn Arg Val Trp Gln Ser<br>115 120 125     |    |    | 384 |
| ttg gat cac gtg acc tgt cgg tcg gca ccg gaa ctc agc tcg agt ata<br>Leu Asp His Val Thr Cys Arg Ser Ala Pro Glu Leu Ser Ser Ser Ile<br>130 135 140     |    |    | 432 |
| aac ctt ctc gct gtg aag agc cct ccg gac atg att agc caa ctg agt<br>Asn Leu Leu Ala Val Lys Ser Pro Pro Asp Met Ile Ser Gln Leu Ser<br>145 150 155 160 |    |    | 480 |
| aac ctc ctg act caa act cag gag aaa ctg gca gcc gcc gat gtc ttc<br>Asn Leu Leu Thr Gln Thr Gln Glu Lys Leu Ala Ala Ala Asp Val Phe<br>165 170 175     |    |    | 528 |
| agt att tcg gag ata ttc gat tcg ctg gtc aaa aaa ccg gaa aga aat<br>Ser Ile Ser Ile Phe Asp Ser Ser Leu Val Lys Lys Pro Glu Arg Asn<br>180 185 190     |    |    | 576 |
| gct gca gtt gta ggg gac ttg atg aag ata tgc caa aaa gtg atg tct<br>Ala Ala Val Val Gly Asp Leu Met Lys Ile Cys Gln Lys Val Met Ser<br>195 200 205     |    |    | 624 |
| aca gat aat gaa acc ctt cgt gtt tca gca gat gct aat gca acc aat<br>Thr Asp Asn Glu Thr Leu Arg Val Ser Ala Asp Ala Asn Ala Thr Asn<br>210 215 220     |    |    | 672 |
| gcc ctc ctt agc aac ttc gag gat tat ttg gat gag ctt agt cca aca<br>Ala Leu Leu Ser Asn Phe Glu Asp Tyr Leu Asp Glu Leu Ser Pro Thr<br>225 230 235 240 |    |    | 720 |
| att tta aag tta aac acc act ttt ttt tca aac agc act gag ttc aca<br>Ile Leu Lys Leu Asn Thr Thr Phe Phe Ser Asn Ser Thr Glu Phe Thr<br>245 250 255     |    |    | 768 |
| ttc cat ccc ttg ttt gat atg ggt gtc att gtt cta aag acg agc gaa<br>Phe His Pro Leu Phe Asp Met Gly Val Ile Val Leu Lys Thr Ser Glu<br>260 265 270     |    |    | 816 |
| ctc aga gta ttc ttt gta gat cca gaa gtg aga aat gtg agt ggg ata                                                                                       |    |    | 864 |

10

20

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|--|
| Leu | Arg | Val | Phe | Phe | Val | Asp | Pro | Glu | Val | Arg | Asn | Val | Ser | Gly | Ile |      |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |  |
| gtg | aac | ttc | tct | ggc | ggc | aat | atg | tgc | cat | ttt | gaa | atg | ctt | cac | cta | 912  |  |
| Val | Asn | Phe | Ser | Gly | Gly | Asn | Met | Ser | His | Phe | Glu | Met | Leu | His | Leu |      |  |
|     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |      |  |
| tgc | gat | aat | gag | gaa | gat | ata | agg | gcc | atg | gag | aat | ctg | gaa | agt | gcg | 960  |  |
| Ser | Asp | Asn | Glu | Glu | Asp | Ile | Arg | Ala | Met | Glu | Asn | Leu | Glu | Ser | Ala |      |  |
|     |     | 305 |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |      |  |
| gtc | ttt | att | ccc | gaa | aaa | cta | tgg | acc | caa | ctg | aag | aga | aag | gga | gcc | 1008 |  |
| Val | Phe | Ile | Pro | Glu | Lys | Leu | Trp | Thr | Gln | Leu | Lys | Arg | Lys | Gly | Ala |      |  |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |  |
| tct | tac | tta | gtt | ttt | aag | gtc | tat | act | cga | gat | tca | ctc | ttt | gtg | gag | 1056 |  |
| Ser | Tyr | Leu | Val | Phe | Lys | Val | Tyr | Thr | Arg | Asp | Ser | Leu | Phe | Val | Glu |      |  |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |  |
| acg | gaa | gag | gaa | atc | aaa | cga | cgg | cca | act | agt | aat | gtt | ata | tcc | ata | 1104 |  |
| Thr | Glu | Glu | Glu | Ile | Lys | Arg | Arg | Pro | Thr | Ser | Asn | Val | Ile | Ser | Ile |      |  |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |  |
| aca | ata | cca | gga | ttg | aat | gat | acc | aag | cta | cct | gga | aag | ttg | cca | ttt | 1152 |  |
| Thr | Ile | Pro | Gly | Leu | Asn | Asp | Thr | Lys | Leu | Pro | Gly | Lys | Leu | Pro | Phe |      |  |
|     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |  |
| ttc | ttg | cgt | aat | gca | aaa | gcg | aat | gaa | act | caa | ttt | gag | gga | gga | tgt | 1200 |  |
| Phe | Leu | Arg | Asn | Ala | Lys | Ala | Asn | Glu | Thr | Gln | Phe | Glu | Gly | Gly | Cys |      |  |
|     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |      |  |
| ggc | tac | tgg | aac | tat | gag | acc | tgg | ctt | agc | gat | gga | ata | tcc | acc | agc | 1248 |  |
| Gly | Tyr | Trp | Asn | Tyr | Glu | Thr | Trp | Leu | Ser | Asp | Gly | Ile | Ser | Thr | Ser |      |  |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |      |  |
| ggc | ggc | ggc | agc | ttg | gaa | gcc | tca | tgc | cac | cca | gtg | atc | ctc | tgc | cat | 1296 |  |
| Gly | Gly | Gly | Ser | Leu | Glu | Ala | Ser | Ser | His | Pro | Val | Ile | Leu | Cys | His |      |  |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |      |  |
| gcg | gat | cat | ctg | acc | cag | ttt | aca | ttt | cta | ctg | gga | gtg | agc | aaa | atg | 1344 |  |
| Ala | Asp | His | Leu | Thr | Gln | Phe | Thr | Phe | Leu | Leu | Gly | Val | Ser | Lys | Met |      |  |
|     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |  |
| cag | gca | ggc | ctg | gac | acc | aat | gaa | gat | gat | cac | tcc | tta | gat | gta | atc | 1392 |  |
| Gln | Ala | Gly | Leu | Asp | Thr | Asn | Glu | Asp | Asp | His | Ser | Leu | Asp | Val | Ile |      |  |
|     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |  |
| acc | aat | gtc | ggc | ttg | acc | ctt | tct | ctg | ttg | ggc | ctc | cta | atg | att | ttt | 1440 |  |
| Thr | Asn | Val | Gly | Leu | Thr | Leu | Ser | Leu | Leu | Gly | Leu | Leu | Met | Ile | Phe |      |  |
|     |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |      |  |
| ata | act | gca | gcc | gtg | ttt | aag | agc | ttc | cgg | aca | tta | gcc | tcc | acg | aag | 1488 |  |
| Ile | Thr | Ala | Ala | Val | Phe | Lys | Ser | Phe | Arg | Thr | Leu | Ala | Ser | Thr | Lys |      |  |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     | 490 |     |     |     |     |     | 495 |     |      |  |
| ata | ttg | ctg | aat | ctg | tgt | gct | gcc | ctg | ggc | ctt | cag | ttg | ctc | ttc | ttc | 1536 |  |
| Ile | Leu | Leu | Asn | Leu | Cys | Ala | Ala | Leu | Gly | Leu | Gln | Leu | Leu | Phe | Phe |      |  |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |      |  |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| ctg atc ctg agt caa agc cat ttg ctg gag cag ctg gaa caa tct gag<br>Leu Ile Leu Ser Gln Ser His Leu Leu Glu Gln Leu Glu Gln Ser Glu<br>515 520 525     | 1584 |
| tcg gaa cga tgt act ctg gtt gga gcc gtg atg caa tat cta ctc ttg<br>Ser Glu Arg Cys Thr Leu Val Gly Ala Val Met Gln Tyr Leu Leu Leu<br>530 535 540     | 1632 |
| gtt gtc ttc agc tgg atg ttt atc att gga ttt ctg cag tat caa aga<br>Val Val Phe Ser Trp Met Phe Ile Ile Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Arg<br>545 550 555 560 | 1680 |
| tat gtg aga gtc att gga gtt aat cac cca cga cat tat ata cta atg<br>Tyr Val Arg Val Ile Gly Val Asn His Pro Arg His Tyr Ile Leu Met<br>565 570 575     | 1728 |
| tcg gct gtg gcg gcc tgg aca ttg cca ctt ata ccc acc ttg ttg gtg<br>Ser Ala Val Ala Ala Trp Thr Leu Pro Leu Ile Pro Thr Leu Leu Val<br>580 585 590     | 1776 |
| gtt ttt ctg gaa ccc ggt tcc tac agg ccc aat aat tcc tca atg gac<br>Val Phe Leu Glu Pro Gly Ser Tyr Arg Pro Asn Asn Ser Ser Met Asp<br>595 600 605     | 1824 |
| tat ccc gtc ctc tgc tat cct tct gga tat ggc tta agt ctg ggc gtc<br>Tyr Pro Val Leu Cys Tyr Pro Ser Gly Tyr Gly Leu Ser Leu Gly Val<br>610 615 620     | 1872 |
| ata ctt cct att ggc ctt atc acg gtg gcc aat gca ata ttg gtg gga<br>Ile Leu Pro Ile Gly Leu Ile Thr Val Ala Asn Ala Ile Leu Val Gly<br>625 630 635 640 | 1920 |
| tac atc tcc tgg agt gtc tat aca gcc ctg ttc aaa cgt gac ctt atc<br>Tyr Ile Ser Trp Ser Val Tyr Thr Ala Leu Phe Lys Arg Asp Leu Ile<br>645 650 655     | 1968 |
| ttc aag caa ctc ggc ctg ttc gtg ctg ctc ttc ttt ctt ttg gga ata<br>Phe Lys Gln Leu Gly Leu Phe Val Leu Leu Phe Phe Leu Leu Gly Ile<br>660 665 670     | 2016 |
| aca tgg ata ttt gga ttg tgt aca tac ttc gat ttc gga agg atc ttc<br>Thr Trp Ile Phe Gly Leu Cys Thr Tyr Phe Asp Phe Gly Arg Ile Phe<br>675 680 685     | 2064 |
| gcc tat ttg ttt tgc ctg aca gcc act tta cag gga ttt gtt tta ttc<br>Ala Tyr Leu Phe Cys Leu Thr Ala Thr Leu Gln Gly Phe Val Leu Phe<br>690 695 700     | 2112 |
| ctt tac ttt ata gta ttt aac aaa gag aac cag cgg gcc tgg ttg ggt<br>Leu Tyr Phe Ile Val Phe Asn Lys Glu Asn Gln Arg Ala Trp Leu Gly<br>705 710 715 720 | 2160 |
| ctc ttt tgc aat tcg agc aag aag aaa aat cag caa act ata caa atg<br>Leu Phe Cys Asn Ser Ser Lys Lys Lys Asn Gln Gln Thr Ile Gln Met<br>725 730 735     | 2208 |
| ccc act gac tcg att ttg caa gcc cta agc cat tca tca aca aac agt<br>Pro Thr Asp Ser Ile Leu Gln Gly Leu Ser His Ser Ser Thr Asn Ser<br>740 745 750     | 2256 |

10

20

30

act agt att taa  
 Thr Ser Ile  
 755

2268

<210> 100  
 <211> 755  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

<400> 100

Met Leu Leu Phe Leu Trp Trp Ile Ala Gly Tyr Ile Ile Leu Val Ser  
 1 5 10 15

Gly Gly Met Asn Pro Pro Leu Tyr Ala Leu Asp Gln Pro Asn Val Ala  
 20 25 30

Arg Cys Leu Asp Tyr Cys His Leu Lys Asn Leu Arg Phe Leu Leu Cys  
 35 40 45

Val Asp Ala Asp Gly Gln Leu Ser His Asn Pro Tyr Lys Asp Cys Asn  
 50 55 60

Arg Gly Phe Cys Lys Ala Glu Glu Phe Glu Leu Glu Tyr Glu Thr Asp  
 65 70 75 80

Glu Gly Lys Glu Lys Arg Ile Asn Arg Val Glu Lys Thr Arg Val Gly  
 85 90 95

Gln Lys Ala Asn Leu Arg Asp Leu Cys Leu Asn Glu Arg Gly Ile Pro  
 100 105 110

Ile Arg Arg Arg Cys Gln Ile Arg Asn Gly Asn Arg Val Trp Gln Ser  
 115 120 125

Leu Asp His Val Thr Cys Arg Ser Ala Pro Glu Leu Ser Ser Ser Ile  
 130 135 140

Asn Leu Leu Ala Val Lys Ser Pro Pro Asp Met Ile Ser Gln Leu Ser  
 145 150 155 160

Asn Leu Leu Thr Gln Thr Gln Glu Lys Leu Ala Ala Ala Asp Val Phe  
 165 170 175

Ser Ile Ser Glu Ile Phe Asp Ser Leu Val Lys Lys Pro Glu Arg Asn  
 180 185 190

10

20

30

Ala Ala Val Val Gly Asp Leu Met Lys Ile Cys Gln Lys Val Met Ser  
 195 200 205

Thr Asp Asn Glu Thr Leu Arg Val Ser Ala Asp Ala Asn Ala Thr Asn  
 210 215 220

Ala Leu Leu Ser Asn Phe Glu Asp Tyr Leu Asp Glu Leu Ser Pro Thr  
 225 230 235 240

Ile Leu Lys Leu Asn Thr Thr Phe Phe Ser Asn Ser Thr Glu Phe Thr  
 245 250 255

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

Leu Arg Val Phe Phe Val Asp Pro Glu Val Arg Asn Val Ser Gly Ile  
 275 280 285

Val Asn Phe Ser Gly Gly Asn Met Ser His Phe Glu Met Leu His Leu  
 290 295 300

Ser Asp Asn Glu Glu Asp Ile Arg Ala Met Glu Asn Leu Glu Ser Ala  
 305 310 315 320

Val Phe Ile Pro Glu Lys Leu Trp Thr Gln Leu Lys Arg Lys Gly Ala  
 325 330 335

Ser Tyr Leu Val Phe Lys Val Tyr Thr Arg Asp Ser Leu Phe Val Glu  
 340 345 350

Thr Glu Glu Glu Ile Lys Arg Arg Pro Thr Ser Asn Val Ile Ser Ile  
 355 360 365

Thr Ile Pro Gly Leu Asn Asp Thr Lys Leu Pro Gly Lys Leu Pro Phe  
 370 375 380

Phe Leu Arg Asn Ala Lys Ala Asn Glu Thr Gln Phe Glu Gly Gly Cys  
 385 390 395 400

Gly Tyr Trp Asn Tyr Glu Thr Trp Leu Ser Asp Gly Ile Ser Thr Ser  
 405 410 415

Gly Gly Gly Ser Leu Glu Ala Ser Ser His Pro Val Ile Leu Cys His

10

20

30

| 420                                                                                | 425 | 430 |
|------------------------------------------------------------------------------------|-----|-----|
| Ala Asp His Leu Thr Gln Phe Thr Phe Leu Leu Gly Val Ser Lys Met<br>435 440 445     |     |     |
| Gln Ala Gly Leu Asp Thr Asn Glu Asp Asp His Ser Leu Asp Val Ile<br>450 455 460     |     |     |
| Thr Asn Val Gly Leu Thr Leu Ser Leu Leu Gly Leu Leu Met Ile Phe<br>465 470 475 480 |     |     |
| Ile Thr Ala Ala Val Phe Lys Ser Phe Arg Thr Leu Ala Ser Thr Lys<br>485 490 495     |     |     |
| Ile Leu Leu Asn Leu Cys Ala Ala Leu Gly Leu Gln Leu Leu Phe Phe<br>500 505 510     |     |     |
| Leu Ile Leu Ser Gln Ser His Leu Leu Glu Gln Leu Glu Gln Ser Glu<br>515 520 525     |     |     |
| Ser Glu Arg Cys Thr Leu Val Gly Ala Val Met Gln Tyr Leu Leu Leu<br>530 535 540     |     |     |
| Val Val Phe Ser Trp Met Phe Ile Ile Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Arg<br>545 550 555 560 |     |     |
| Tyr Val Arg Val Ile Gly Val Asn His Pro Arg His Tyr Ile Leu Met<br>565 570 575     |     |     |
| Ser Ala Val Ala Ala Trp Thr Leu Pro Leu Ile Pro Thr Leu Leu Val<br>580 585 590     |     |     |
| Val Phe Leu Glu Pro Gly Ser Tyr Arg Pro Asn Asn Ser Ser Met Asp<br>595 600 605     |     |     |
| Tyr Pro Val Leu Cys Tyr Pro Ser Gly Tyr Gly Leu Ser Leu Gly Val<br>610 615 620     |     |     |
| Ile Leu Pro Ile Gly Leu Ile Thr Val Ala Asn Ala Ile Leu Val Gly<br>625 630 635 640 |     |     |
| Tyr Ile Ser Trp Ser Val Tyr Thr Ala Leu Phe Lys Arg Asp Leu Ile<br>645 650 655     |     |     |

10

20

30



Phe Lys Gln Leu Gly Leu Phe Val Leu Leu Phe Phe Leu Leu Gly Ile  
660 665 670

Thr Trp Ile Phe Gly Leu Cys Thr Tyr Phe Asp Phe Gly Arg Ile Phe  
675 680 685

Ala Tyr Leu Phe Cys Leu Thr Ala Thr Leu Gln Gly Phe Val Leu Phe  
690 695 700

Leu Tyr Phe Ile Val Phe Asn Lys Glu Asn Gln Arg Ala Trp Leu Gly  
705 710 715 720

Leu Phe Cys Asn Ser Ser Lys Lys Lys Asn Gln Gln Thr Ile Gln Met  
725 730 735

Pro Thr Asp Ser Ile Leu Gln Gly Leu Ser His Ser Ser Thr Asn Ser  
740 745 750

Thr Ser Ile  
755

<210> 101  
<211> 1320  
<212> DNA  
<213> *Drosophila melanogaster*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1320)  
<223>

<400> 101  
atg aaa aag aaa tat cgt ttg cgg cca gtt aga ttt tca cct gaa tca 48  
Met Lys Lys Lys Tyr Arg Leu Arg Pro Val Arg Phe Ser Pro Glu Ser  
1 5 10 15  
cct gca atc gag cgc aat tat cat acc ggc aaa atg gaa acc aca aca 96  
Pro Ala Ile Glu Arg Asn Tyr His Thr Gly Lys Met Glu Thr Thr Thr  
20 25 30  
cct gtg ctc gac ctg ttg atg ccg cac tac tca act act gtg gcg cct 144  
Pro Val Leu Asp Leu Leu Met Pro His Tyr Ser Thr Thr Val Ala Pro  
35 40 45  
ccg aaa gcg ctc tat gca aat cga aat cgc ctg att att ggt gtt att 192  
Pro Lys Ala Leu Tyr Ala Asn Arg Asn Arg Leu Ile Ile Gly Val Ile  
50 55 60  
atc atg gtt ctg ggc gtt ttt ggc aat tcg ctg gcc ctt ttc att ttg 240  
Ile Met Val Leu Gly Val Phe Gly Asn Ser Leu Ala Leu Phe Ile Leu  
65 70 75 80

10

20

30

|                                                                                                                                                       |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| gcg cgc aag aag ctc aac aaa aac agc aaa tac acg ctc atg ctg cga<br>Ala Arg Lys Lys Leu Asn Lys Asn Ser Lys Tyr Thr Leu Met Leu Arg<br>85 90 95        | 288 |
| tgc ctg gcg acc aac aat ctg gtg gct cta ctg ggc atg ctg acc acg<br>Cys Leu Ala Thr Asn Asn Leu Val Ala Leu Leu Gly Met Leu Thr Thr<br>100 105 110     | 336 |
| acg ctg ctg aaa atg tat ctc tca aag gag gtc ctg cag tgc ttc atc<br>Thr Leu Leu Lys Met Tyr Leu Ser Lys Glu Val Leu Gln Ser Phe Ile<br>115 120 125     | 384 |
| cga gtg gat tgc gtg gga ctc gtg gtt tgg cga ttt ttc ggg ctc agt<br>Arg Val Asp Cys Val Gly Leu Val Val Trp Arg Phe Phe Gly Leu Ser<br>130 135 140     | 432 |
| tct gga tgc att gca gca gtt atg gcg gca gaa aga tgg atg gcc cta<br>Ser Gly Cys Ile Ala Ala Val Met Ala Ala Glu Arg Trp Met Ala Leu<br>145 150 155 160 | 480 |
| gcc aga ccc ttt atc tac cac aag cac att acc tac gag ctc att cgc<br>Ala Arg Pro Phe Ile Tyr His Lys His Ile Thr Tyr Glu Leu Ile Arg<br>165 170 175     | 528 |
| aag agc atc aac agc att ctg atg atc gcc gtg gtg atc acg ttc ctg<br>Lys Ser Ile Asn Ser Ile Leu Met Ile Ala Val Val Ile Thr Phe Leu<br>180 185 190     | 576 |
| cca ttc gtt ggt ttt ggt gca tac atc gat gaa tcc aat ccg gac cag<br>Pro Phe Val Gly Phe Gly Ala Tyr Ile Asp Glu Ser Asn Pro Asp Gln<br>195 200 205     | 624 |
| ctt aag tgt ata cga tat cgc gat gcg ccg ggc gtg tgg aat aag tgc<br>Leu Lys Cys Ile Arg Tyr Arg Asp Ala Pro Gly Val Trp Asn Lys Ser<br>210 215 220     | 672 |
| tat gcg gtg ctc ttt atg gtc ttc ggt acc ctg ctg tgc att gta atc<br>Tyr Ala Val Leu Phe Met Val Phe Gly Thr Leu Leu Cys Ile Val Ile<br>225 230 235 240 | 720 |
| gtg gcc tgc aat ctc ttc gtg gcc cac gcc ttg ctc tgt gtg atc gga<br>Val Ala Cys Asn Leu Phe Val Ala His Ala Leu Leu Cys Val Ile Gly<br>245 250 255     | 768 |
| agg agt cgc acg gcc aaa cgg cat atg cac tac gac ctg gtt tcc agg<br>Arg Ser Arg Thr Ala Lys Arg His Met His Tyr Asp Leu Val Ser Arg<br>260 265 270     | 816 |
| gac aaa aac agt gcc atc agc atc gat ccc gag agc agc agc ggc acc<br>Asp Lys Asn Ser Ala Ile Ser Ile Asp Pro Glu Ser Ser Ser Gly Thr<br>275 280 285     | 864 |
| acc ctc tac cag acg cag ctg agc acc gga agc gga aac agc cat cgc<br>Thr Leu Tyr Gln Thr Gln Leu Ser Thr Gly Ser Gly Asn Ser His Arg<br>290 295 300     | 912 |
| agt gta cag ccg gca agg cag tac agg cac agc gtt agc gtc aca atg<br>Ser Val Gln Pro Ala Arg Gln Tyr Arg His Ser Val Ser Val Thr Met<br>305 310 315 320 | 960 |

10

20

30

gcg gcc acc gac tcc tcg cca gtc gag atc aag ttc gcc aaa cta atg 1008  
 Ala Ala Thr Asp Ser Ser Pro Val Glu Ile Lys Phe Ala Lys Leu Met  
 325 330 335

gcg ttc ctc agc atc tcg ttc gtc atc tgc tgg atg cca cag atg atc 1056  
 Ala Phe Leu Ser Ile Ser Phe Val Ile Cys Trp Met Pro Gln Met Ile  
 340 345 350

gcc atc ccg ttg gct ata gct cca aat cgg gtg ccc gca tcg aac aag 1104  
 Ala Ile Pro Leu Ala Ile Ala Pro Asn Arg Val Pro Ala Ser Asn Lys  
 355 360 365

ttc ttc atc atc gcc gat gtt ctt acg gcg ctg cac ttc acc tcg gat 1152  
 Phe Phe Ile Ile Ala Asp Val Leu Thr Ala Leu His Phe Thr Ser Asp  
 370 375 380

ccg tat gtc tat gtg ctg agt cgc tcc aag tcc atc aac tgg tcc ttg 1200  
 Pro Tyr Val Tyr Val Leu Ser Arg Ser Lys Ser Ile Asn Trp Ser Leu  
 385 390 395 400

ctg gga tgc att aag cgc tgg agg agc gga tgg cgt ccg ggc gga ctt 1248  
 Leu Gly Cys Ile Lys Arg Trp Arg Ser Gly Trp Arg Pro Gly Gly Leu  
 405 410 415

cgt cgt tcc cag agc gac cag agc cgc atg cgt acg acg atg acg gag 1296  
 Arg Arg Ser Gln Ser Asp Gln Ser Arg Met Arg Thr Thr Met Thr Glu  
 420 425 430

gcg aat act ctg gaa ttc aac tga 1320  
 Ala Asn Thr Leu Glu Phe Asn  
 435

10

<210> 102  
 <211> 439  
 <212> PRT  
 <213> Drosophila melanogaster

20

<400> 102

Met Lys Lys Lys Tyr Arg Leu Arg Pro Val Arg Phe Ser Pro Glu Ser  
 1 5 10 15

Pro Ala Ile Glu Arg Asn Tyr His Thr Gly Lys Met Glu Thr Thr Thr  
 20 25 30

Pro Val Leu Asp Leu Leu Met Pro His Tyr Ser Thr Thr Val Ala Pro  
 35 40 45

30

Pro Lys Ala Leu Tyr Ala Asn Arg Asn Arg Leu Ile Ile Gly Val Ile  
 50 55 60

Ile Met Val Leu Gly Val Phe Gly Asn Ser Leu Ala Leu Phe Ile Leu  
 65 70 75 80

Ala Arg Lys Lys Leu Asn Lys Asn Ser Lys Tyr Thr Leu Met Leu Arg  
85 90 95

Cys Leu Ala Thr Asn Asn Leu Val Ala Leu Leu Gly Met Leu Thr Thr  
100 105 110

Thr Leu Leu Lys Met Tyr Leu Ser Lys Glu Val Leu Gln Ser Phe Ile  
115 120 125

Arg Val Asp Cys Val Gly Leu Val Val Trp Arg Phe Phe Gly Leu Ser  
130 135 140

Ser Gly Cys Ile Ala Ala Val Met Ala Ala Glu Arg Trp Met Ala Leu  
145 150 155 160

Ala Arg Pro Phe Ile Tyr His Lys His Ile Thr Tyr Glu Leu Ile Arg  
165 170 175

Lys Ser Ile Asn Ser Ile Leu Met Ile Ala Val Val Ile Thr Phe Leu  
180 185 190

Pro Phe Val Gly Phe Gly Ala Tyr Ile Asp Glu Ser Asn Pro Asp Gln  
195 200 205

Leu Lys Cys Ile Arg Tyr Arg Asp Ala Pro Gly Val Trp Asn Lys Ser  
210 215 220

Tyr Ala Val Leu Phe Met Val Phe Gly Thr Leu Leu Cys Ile Val Ile  
225 230 235 240

Val Ala Cys Asn Leu Phe Val Ala His Ala Leu Leu Cys Val Ile Gly  
245 250 255

Arg Ser Arg Thr Ala Lys Arg His Met His Tyr Asp Leu Val Ser Arg  
260 265 270

Asp Lys Asn Ser Ala Ile Ser Ile Asp Pro Glu Ser Ser Ser Gly Thr  
275 280 285

Thr Leu Tyr Gln Thr Gln Leu Ser Thr Gly Ser Gly Asn Ser His Arg  
290 295 300

Ser Val Gln Pro Ala Arg Gln Tyr Arg His Ser Val Ser Val Thr Met

10

20

30

20

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1806)
<223>
```

30

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Gly | Met | Gly | Thr | Glu | Ala | Val | Ala | Asn | Ile | Ser | Gly | Ser | Leu | Val | Glu |     |  |
| 50  |     |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |
| ggc | ctg | acc | acc | gtt | acc | gcg | gca | ttg | agt | acg | gct | cag | gcg | gac | aag | 240 |  |
| Gly | Leu | Thr | Thr | Val | Thr | Ala | Ala | Leu | Ser | Thr | Ala | Gln | Ala | Asp | Lys |     |  |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |     |  |
| gac | tca | gcg | gga | gaa | tgc | gaa | gga | gct | gtg | gag | gag | ctg | cat | gcc | agc | 288 |  |
| Asp | Ser | Ala | Gly | Glu | Cys | Glu | Gly | Ala | Val | Glu | Glu | Leu | His | Ala | Ser |     |  |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |  |
| atc | ctg | ggc | ctc | cag | ctg | gct | gtg | ccg | gag | tgg | gag | gcc | ctt | ctc | acc | 336 |  |
| Ile | Leu | Gly | Leu | Gln | Leu | Ala | Val | Pro | Glu | Trp | Glu | Ala | Leu | Leu | Thr |     |  |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |  |
| gcc | ctg | gtt | ctc | tcg | gtc | att | atc | gtg | ctg | acc | atc | atc | ggg | aac | atc | 384 |  |
| Ala | Leu | Val | Leu | Ser | Val | Ile | Ile | Val | Leu | Thr | Ile | Ile | Gly | Asn | Ile |     |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| ctg | gtg | att | ctg | agt | gtg | ttc | acc | tac | aag | ccg | ctg | cgc | atc | gtc | cag | 432 |  |
| Leu | Val | Ile | Leu | Ser | Val | Phe | Thr | Tyr | Lys | Pro | Leu | Arg | Ile | Val | Gln |     |  |
|     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |
| aac | ttc | ttc | ata | gtt | tgc | ctg | gcg | gtg | gcc | gat | ctc | acg | gtg | gcc | ctt | 480 |  |
| Asn | Phe | Phe | Ile | Val | Ser | Leu | Ala | Val | Ala | Asp | Leu | Thr | Val | Ala | Leu |     |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |
| ctg | gtg | ctg | ccc | ttc | aac | gtg | gct | tac | tgc | atc | ctg | ggg | cgc | tgg | gag | 528 |  |
| Leu | Val | Leu | Pro | Phe | Asn | Val | Ala | Tyr | Ser | Ile | Leu | Gly | Arg | Trp | Glu |     |  |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |     |  |
| ttc | ggc | atc | cac | ctg | tgc | aag | ctg | tgg | ctc | acc | tgc | gac | gtg | ctg | tgc | 576 |  |
| Phe | Gly | Ile | His | Leu | Cys | Lys | Leu | Trp | Leu | Thr | Cys | Asp | Val | Leu | Cys |     |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |
| tgc | act | agc | tcc | atc | ctg | aac | ctg | tgt | gcc | ata | gcc | ctc | gac | cgg | tac | 624 |  |
| Cys | Thr | Ser | Ser | Ile | Leu | Asn | Leu | Cys | Ala | Ile | Ala | Leu | Asp | Arg | Tyr |     |  |
|     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |     |  |
| tgg | gcc | att | acg | gac | ccc | atc | aac | tat | gcc | cag | aag | agg | acc | gtt | ggt | 672 |  |
| Trp | Ala | Ile | Thr | Asp | Pro | Ile | Asn | Tyr | Ala | Gln | Lys | Arg | Thr | Val | Gly |     |  |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |  |
| cgc | gtc | ctg | ctc | ctc | atc | tcc | ggg | gtg | tgg | cta | ctt | tgc | ctg | ctg | ata | 720 |  |
| Arg | Val | Leu | Leu | Leu | Ile | Ser | Gly | Val | Trp | Leu | Leu | Ser | Leu | Leu | Ile |     |  |
|     |     | 225 |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |  |
| agt | agt | ccg | ccg | ttg | atc | ggc | tgg | aac | gac | tgg | ccg | gac | gag | ttc | aca | 768 |  |
| Ser | Ser | Pro | Pro | Leu | Ile | Gly | Trp | Asn | Asp | Trp | Pro | Asp | Glu | Phe | Thr |     |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |     |  |
| agc | gcc | acg | ccc | tgc | gag | ctg | acc | tgc | cag | cga | ggc | tac | gtg | atc | tac | 816 |  |
| Ser | Ala | Thr | Pro | Cys | Glu | Leu | Thr | Ser | Gln | Arg | Gly | Tyr | Val | Ile | Tyr |     |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |  |
| tcc | tgc | ctg | ggc | tcc | ttc | ttt | att | ccg | ctg | gcc | atc | atg | acg | atc | gtc | 864 |  |
| Ser | Ser | Leu | Gly | Ser | Phe | Phe | Ile | Pro | Leu | Ala | Ile | Met | Thr | Ile | Val |     |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |  |

10

20

30

|                                                                                                                                                       |      |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| tac atc gag atc ttc gtg gcc acg cgg cgc cgc cta agg gag cga gcc<br>Tyr Ile Glu Ile Phe Val Ala Thr Arg Arg Arg Leu Arg Glu Arg Ala<br>290 295 300     | 912  |
| agg gcc aac aag ctt aac acg atc gct ctg aag tcc act gag ctc gag<br>Arg Ala Asn Lys Leu Asn Thr Ile Ala Leu Lys Ser Thr Glu Leu Glu<br>305 310 315 320 | 960  |
| ccg atg gca aac tcc tcg ccc gtc gcc gcc tcc aac tcc ggc tcc aag<br>Pro Met Ala Asn Ser Ser Pro Val Ala Ala Ser Asn Ser Gly Ser Lys<br>325 330 335     | 1008 |
| tcg cgt ctc cta gcc agc tgg ctt tgc tgc ggc cgg gat cgg gcc cag<br>Ser Arg Leu Leu Ala Ser Trp Leu Cys Cys Gly Arg Asp Arg Ala Gln<br>340 345 350     | 1056 |
| ttc gcc acg cct atg atc cag aac gac cag gag agc atc agc agt gaa<br>Phe Ala Thr Pro Met Ile Gln Asn Asp Gln Glu Ser Ile Ser Ser Glu<br>355 360 365     | 1104 |
| acc cac cag cgg cag gat tcc tcc aaa gcg ggt ccc cat ggc aac agc<br>Thr His Gln Pro Gln Asp Ser Ser Lys Ala Gly Pro His Gly Asn Ser<br>370 375 380     | 1152 |
| gat ccc caa cag cag cac gtg gtc gtg ctg gtc aag aag tcg cgt cgc<br>Asp Pro Gln Gln Gln His Val Val Val Leu Val Lys Lys Ser Arg Arg<br>385 390 395 400 | 1200 |
| gcc aag acc aag gac tcc att aag cac ggc aag acc cgt ggt ggc cgc<br>Ala Lys Thr Lys Asp Ser Ile Lys His Gly Lys Thr Arg Gly Gly Arg<br>405 410 415     | 1248 |
| aag tcg cag tcc tcg tcc aca tgc gag ccc cac ggc gag caa cag ctc<br>Lys Ser Gln Ser Ser Thr Cys Glu Pro His Gly Glu Gln Gln Leu<br>420 425 430         | 1296 |
| tta ccc gcc ggc ggg gat ggc ggt agc tgc cag ccc ggc gga ggc cac<br>Leu Pro Ala Gly Gly Asp Gly Gly Ser Cys Gln Pro Gly Gly Gly His<br>435 440 445     | 1344 |
| tct gga ggc gga aag tcg gac gcc gag atc agc acg gag agc ggg agc<br>Ser Gly Gly Gly Lys Ser Asp Ala Glu Ile Ser Thr Glu Ser Gly Ser<br>450 455 460     | 1392 |
| gat ccc aaa ggt tgc ata cag gtc tgc gtg act cag gcg gac gag caa<br>Asp Pro Lys Gly Cys Ile Gln Val Cys Val Thr Gln Ala Asp Glu Gln<br>465 470 475 480 | 1440 |
| acg tcc cta aag ctg acc ccg ccg caa tcc tcg acg gga gtc gct gcc<br>Thr Ser Leu Lys Leu Thr Pro Pro Gln Ser Ser Thr Gly Val Ala Ala<br>485 490 495     | 1488 |
| gtt tct gtc act ccg ttg cag aag aag act agt ggg gtt aac cag ttc<br>Val Ser Val Thr Pro Leu Gln Lys Lys Thr Ser Gly Val Asn Gln Phe<br>500 505 510     | 1536 |
| att gag gag aaa cag aag atc tcg ctt tcc aag gag cgg cga gcg gct<br>Ile Glu Glu Lys Gln Lys Ile Ser Leu Ser Lys Glu Arg Arg Ala Ala<br>515 520 525     | 1584 |

10

20

30

cgc acc ctg ggc atc atc atg ggc gtg ttc gtc atc tgc tgg ctg ccc 1632  
 Arg Thr Leu Gly Ile Ile Met Gly Val Phe Val Ile Cys Trp Leu Pro  
 530 535 540  
 ttc ttc ctg atg tac gtc att ctg ccc ttc tgc cag acc tgc tgc ccc 1680  
 Phe Phe Leu Met Tyr Val Ile Leu Pro Phe Cys Gln Thr Cys Cys Pro  
 545 550 555 560  
 acg aac aag ttc aag aac ttc atc acc tgg ctg ggc tac atc aac tcg 1728  
 Thr Asn Lys Phe Lys Asn Phe Ile Thr Trp Leu Gly Tyr Ile Asn Ser  
 565 570 575  
 ggc ctg aat ccg gtc atc tac acc atc ttc aac ctg gac tac cgc cgg 1776  
 Gly Leu Asn Pro Val Ile Tyr Thr Ile Phe Asn Leu Asp Tyr Arg Arg  
 580 585 590  
 gcc ttc aag cga ctt ctg ggc ctg aat tga 1806  
 Ala Phe Lys Arg Leu Leu Gly Leu Asn  
 595 600

10

<210> 104  
 <211> 601  
 <212> PRT  
 <213> *Drosophila melanogaster*  
 <400> 104

Met Pro Ser Ala Asp Gln Ile Leu Phe Val Asn Val Thr Thr Thr Val  
 1 5 10 15

Ala Ala Ala Ala Leu Thr Ala Ala Ala Ala Val Ser Thr Thr Lys Ser  
 20 25 30

20

Gly Ser Gly Asn Ala Ala Arg Gly Tyr Thr Asn Ser Asp Asp Asp Ala  
 35 40 45

Gly Met Gly Thr Glu Ala Val Ala Asn Ile Ser Gly Ser Leu Val Glu  
 50 55 60

Gly Leu Thr Thr Val Thr Ala Ala Leu Ser Thr Ala Gln Ala Asp Lys  
 65 70 75 80

Asp Ser Ala Gly Glu Cys Glu Gly Ala Val Glu Glu Leu His Ala Ser  
 85 90 95

30

Ile Leu Gly Leu Gln Leu Ala Val Pro Glu Trp Glu Ala Leu Leu Thr  
 100 105 110

Ala Leu Val Leu Ser Val Ile Ile Val Leu Thr Ile Ile Gly Asn Ile  
 115 120 125



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

10

20

30

355                      360                      365  
 Thr His Gln Pro Gln Asp Ser Ser Lys Ala Gly Pro His Gly Asn Ser  
 370                      375                      380  
 Asp Pro Gln Gln Gln His Val Val Val Leu Val Lys Lys Ser Arg Arg  
 385                      390                      395                      400  
 Ala Lys Thr Lys Asp Ser Ile Lys His Gly Lys Thr Arg Gly Gly Arg  
 405                      410                      415  
 Lys Ser Gln Ser Ser Ser Thr Cys Glu Pro His Gly Glu Gln Gln Leu  
 420                      425                      430  
 Leu Pro Ala Gly Gly Asp Gly Gly Ser Cys Gln Pro Gly Gly Gly His  
 435                      440                      445  
 Ser Gly Gly Gly Lys Ser Asp Ala Glu Ile Ser Thr Glu Ser Gly Ser  
 450                      455                      460  
 Asp Pro Lys Gly Cys Ile Gln Val Cys Val Thr Gln Ala Asp Glu Gln  
 465                      470                      475                      480  
 Thr Ser Leu Lys Leu Thr Pro Pro Gln Ser Ser Thr Gly Val Ala Ala  
 485                      490                      495  
 Val Ser Val Thr Pro Leu Gln Lys Lys Thr Ser Gly Val Asn Gln Phe  
 500                      505                      510  
 Ile Glu Glu Lys Gln Lys Ile Ser Leu Ser Lys Glu Arg Arg Ala Ala  
 515                      520                      525  
 Arg Thr Leu Gly Ile Ile Met Gly Val Phe Val Ile Cys Trp Leu Pro  
 530                      535                      540  
 Phe Phe Leu Met Tyr Val Ile Leu Pro Phe Cys Gln Thr Cys Cys Pro  
 545                      550                      555                      560  
 Thr Asn Lys Phe Lys Asn Phe Ile Thr Trp Leu Gly Tyr Ile Asn Ser  
 565                      570                      575  
 Gly Leu Asn Pro Val Ile Tyr Thr Ile Phe Asn Leu Asp Tyr Arg Arg  
 580                      585                      590

10

20

30

Ala Phe Lys Arg Leu Leu Gly Leu Asn  
595 600

<210> 105  
<211> 1551  
<212> DNA  
<213> *Heliothis virescens*

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1551)  
<223>

<400> 105  
atg cgc tca ctg aat gaa aca gcg tgc cag gcg ctg ttg gaa gat gtc 48 10  
Met Arg Ser Leu Asn Glu Thr Ala Cys Gln Ala Leu Leu Glu Asp Val  
1 5 10 15  
cgc tgg gat gaa tcc gtc agc ctc gtc agc tta gct ata ctg gct ctt 96  
Arg Trp Asp Glu Ser Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Ile Leu Ala Leu  
20 25 30  
att gat gtc ctt gtt att gca ggt aac tgc ctg gtg ata gca gca gtg 144  
Ile Asp Val Leu Val Ile Ala Gly Asn Cys Leu Val Ile Ala Ala Val  
35 40 45  
ttg tgt tca tca aag ctg cgc agt gtc aca aat ctg ttc atc gta tca 192  
Leu Cys Ser Ser Lys Leu Arg Ser Val Thr Asn Leu Phe Ile Val Ser  
50 55 60  
ctg gct gtc gcg gat cta ttg gtc ggc gtc gcc gta ctg cct ttc tca 240 20  
Leu Ala Val Ala Asp Leu Leu Val Gly Val Ala Val Leu Pro Phe Ser  
65 70 75 80  
gct acc aga gaa gtt ttt gag gta tgg ata ttc gga gac gtt tgg tgc 288  
Ala Thr Arg Glu Val Phe Glu Val Trp Ile Phe Gly Asp Val Trp Cys  
85 90 95  
tca gta tgg ctg gcc gtc gat gtc tgg atg tgc acg gct tcc atc ctg 336  
Ser Val Trp Leu Ala Val Asp Val Trp Met Cys Thr Ala Ser Ile Leu  
100 105 110  
aac ctg tgc gcc atc tcc ttg gac cgc tac gta gct gtg acc aga cca 384  
Asn Leu Cys Ala Ile Ser Leu Asp Arg Tyr Val Ala Val Thr Arg Pro  
115 120 125  
gtc agc tat cct agc atc atg agc agg aag aga gct aaa gcc cta ata 432  
Val Ser Tyr Pro Ser Ile Met Ser Arg Lys Arg Ala Lys Ala Leu Ile  
130 135 140 30  
gct ggt ctc tgg gtc ttg tct ttc gtc atc tgt ttc cct cct cta gtt 480  
Ala Gly Leu Trp Val Leu Ser Phe Val Ile Cys Phe Pro Pro Leu Val  
145 150 155 160  
ggc tgg aag gat aaa aag cct gaa gaa gca gac atg aaa gac ggc tgg 528  
Gly Trp Lys Asp Lys Lys Pro Glu Glu Ala Asp Met Lys Asp Gly Trp  
165 170 175

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| gtc ccc aat ccc ccc tgt gag tgg acc tgc gag ctg acc aac gat gcc | 576  |
| Val Pro Asn Pro Pro Cys Glu Trp Thr Cys Glu Leu Thr Asn Asp Ala |      |
| 180 185 190                                                     |      |
| ggt tac gtc gtc tac tca gcc ctt ggg tcc ttc tac atc ccc atg ttc | 624  |
| Gly Tyr Val Val Tyr Ser Ala Leu Gly Ser Phe Tyr Ile Pro Met Phe |      |
| 195 200 205                                                     |      |
| gtg atg ctt ttc ttc tat tgg agg ata tac aaa gct gct gtc aga act | 672  |
| Val Met Leu Phe Phe Tyr Trp Arg Ile Tyr Lys Ala Ala Val Arg Thr |      |
| 210 215 220                                                     |      |
| act aag gct atc aat cag ggt ttt aga act aca aaa gcc tgt tct caa | 720  |
| Thr Lys Ala Ile Asn Gln Gly Phe Arg Thr Thr Lys Ala Cys Ser Gln |      |
| 225 230 235 240                                                 |      |
| ttt gca ggc aaa ggc atg ggt agt cgt ttt gac gac aac cgg ctg acg | 768  |
| Phe Ala Gly Lys Gly Met Gly Ser Arg Phe Asp Asp Asn Arg Leu Thr |      |
| 245 250 255                                                     |      |
| ctc aga ata cat aga ggg cga ggg tct aac agg cca cat gga tct ccg | 816  |
| Leu Arg Ile His Arg Gly Arg Gly Ser Asn Arg Pro His Gly Ser Pro |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| cta tca aat gct tcc aat cac tca acc agc acc tct ctt agc gct tct | 864  |
| Leu Ser Asn Ala Ser Asn His Ser Thr Ser Thr Ser Leu Ser Ala Ser |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| cct gaa aga tta cga aga cat tca agt gca aga aga gct cac gaa aaa | 912  |
| Pro Glu Arg Leu Arg Arg His Ser Ser Ala Arg Ala His Glu Lys     |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| gtc aag atc tct gtg agt tac tcc tca tca gag cag atc tgt cct gcc | 960  |
| Val Lys Ile Ser Val Ser Tyr Ser Ser Ser Glu Gln Ile Cys Pro Ala |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| cac gag aac tcc agg tct tca agc aga tct cca agc cct tct ctc tat | 1008 |
| His Glu Asn Ser Arg Ser Ser Ser Arg Ser Pro Ser Pro Ser Leu Tyr |      |
| 325 330 335                                                     |      |
| gca gtt cat tac gaa aga gat ggc agg gaa ctg acg gag agc agg ttg | 1056 |
| Ala Val His Tyr Glu Arg Asp Gly Arg Glu Leu Thr Glu Ser Arg Leu |      |
| 340 345 350                                                     |      |
| agg gtg aga ccc tcc cat cat ttg gcg cca gga cct ttg tat gat gag | 1104 |
| Arg Val Arg Pro Ser His His Leu Ala Pro Gly Pro Leu Tyr Asp Glu |      |
| 355 360 365                                                     |      |
| tat gat gat aaa cca aga act acg aga aga atg ggg aaa cgg aat att | 1152 |
| Tyr Asp Asp Lys Pro Arg Thr Thr Arg Arg Met Gly Lys Arg Asn Ile |      |
| 370 375 380                                                     |      |
| aag gct cag gtg aaa cgc ttc cgc atg gaa acc aaa gct gcc aag acc | 1200 |
| Lys Ala Gln Val Lys Arg Phe Arg Met Glu Thr Lys Ala Ala Lys Thr |      |
| 385 390 395 400                                                 |      |
| ctc ggc atc atc gta ggg ggg ttc gtg ttc tgc tgg ctt cca ttc ttc | 1248 |
| Leu Gly Ile Ile Val Gly Gly Phe Val Phe Cys Trp Leu Pro Phe Phe |      |
| 405 410 415                                                     |      |

10

20

30

agc gtg tac gtg gtg agg gcg ttc tgt ggc gag tgc gtc agc ccc ata 1296  
 Ser Val Tyr Val Val Arg Ala Phe Cys Gly Glu Cys Val Ser Pro Ile  
 420 425 430  
 gtc ttc tcc gta ctc ttt tgg ttg ggg tac tgc aat tct gct atc aac 1344  
 Val Phe Ser Val Leu Phe Trp Leu Gly Tyr Cys Asn Ser Ala Ile Asn  
 435 440 445  
 ccg ctg att tat gcg ctg ttt tct aag gac ttt aga ttc gca ttc aaa 1392  
 Pro Leu Ile Tyr Ala Leu Phe Ser Lys Asp Phe Arg Phe Ala Phe Lys  
 450 455 460  
 cgc ata atc tgc aag tgt ttc tgc ggc ggc gga ggt ccg aga cgg gag 1440  
 Arg Ile Ile Cys Lys Cys Phe Cys Gly Gly Gly Gly Pro Arg Arg Glu  
 465 470 475 480  
 tct gac ggc gag ggc tct cgg cgt cag aac aac cgg ccc acc cac tct 1488  
 Ser Asp Gly Glu Glu Ser Arg Arg Gln Asn Asn Arg Pro Thr His Ser  
 485 490 495  
 cac tct tta gaa gaa cat gac gcc aac aac cat act acc act acg act 1536  
 His Ser Leu Glu Glu His Asp Ala Asn Asn His Thr Thr Thr Thr  
 500 505 510  
 gct gca gac agg tag 1551  
 Ala Ala Asp Arg  
 515

10

<210> 106  
 <211> 516  
 <212> PRT  
 <213> *Heliothis virescens*  
 <400> 106

20

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

30

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

10

20

30

325                      330                      335  
 Ala Val His Tyr Glu Arg Asp Gly Arg Glu Leu Thr Glu Ser Arg Leu  
                          340                      345                      350  
 Arg Val Arg Pro Ser His His Leu Ala Pro Gly Pro Leu Tyr Asp Glu  
                          355                      360                      365  
 Tyr Asp Asp Lys Pro Arg Thr Thr Arg Arg Met Gly Lys Arg Asn Ile  
                          370                      375                      380  
 Lys Ala Gln Val Lys Arg Phe Arg Met Glu Thr Lys Ala Ala Lys Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Leu Gly Ile Ile Val Gly Gly Phe Val Phe Cys Trp Leu Pro Phe Phe  
                          405                      410                      415  
 Ser Val Tyr Val Val Arg Ala Phe Cys Gly Glu Cys Val Ser Pro Ile  
                          420                      425                      430  
 Val Phe Ser Val Leu Phe Trp Leu Gly Tyr Cys Asn Ser Ala Ile Asn  
                          435                      440                      445  
 Pro Leu Ile Tyr Ala Leu Phe Ser Lys Asp Phe Arg Phe Ala Phe Lys  
                          450                      455                      460  
 Arg Ile Ile Cys Lys Cys Phe Cys Gly Gly Gly Gly Pro Arg Arg Glu  
 465                      470                      475                      480  
 Ser Asp Gly Glu Gly Ser Arg Arg Gln Asn Asn Arg Pro Thr His Ser  
                          485                      490                      495  
 His Ser Leu Glu Glu His Asp Ala Asn Asn His Thr Thr Thr Thr Thr  
                          500                      505                      510  
 Ala Ala Asp Arg  
                          515  
 <210> 107  
 <211> 1189  
 <212> DNA  
 <213> Manduca sexta  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1188)

10

20

30

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 107

|                                                                     |     |
|---------------------------------------------------------------------|-----|
| atg gcg gag gag tgt ctg gcg agg aag ttc aac ttg tcg gac aac tac     | 48  |
| Met Ala Glu Glu Tyr Cys Leu Ala Arg Lys Phe Asn Leu Ser Asp Asn Tyr |     |
| 1 5 10 15                                                           |     |
| tgc ccg gcg tac ttc gat gga ctc ctg tgc tgg gac ccg acg cct tgg     | 96  |
| Cys Pro Ala Tyr Phe Asp Gly Leu Cys Trp Asp Pro Thr Pro Lrp         |     |
| 20 25 30                                                            |     |
| aac acc ttg gcg gtg cag aag tgc ttt aaa gaa ctg tac ggg ata caa     | 144 |
| Asn Thr Leu Ala Val Gln Lys Cys Phe Lys Glu Leu Tyr Gly Ile Gln     |     |
| 35 40 45                                                            |     |
| tac gat gac aca caa aat gcc tca cgg ctg tgc ttg gac gga gtt tgg     | 192 |
| Tyr Asp Asp Thr Gln Asn Ala Ser Arg Leu Cys Leu Asp Gly Val Trp     |     |
| 50 55 60                                                            |     |
| cac aac tac acc aac tat aca aat tgc acg gag agg atc gca aac ggg     | 240 |
| His Asn Tyr Thr Asn Tyr Thr Asn Cys Thr Glu Arg Ile Ala Asn Gly     |     |
| 65 70 75 80                                                         |     |
| tca cca aca gat gtc gct agt ctc ata tac ttg gcg ggc tac tcc ctc     | 288 |
| Ser Pro Thr Asp Val Ala Ser Leu Ile Tyr Leu Ala Gly Tyr Ser Leu     |     |
| 85 90 95                                                            |     |
| agc ctt gct gtt cta tcg tta gct gtc ttc gta ttc ttg tat ttt aag     | 336 |
| Ser Leu Ala Val Leu Ser Leu Ala Val Phe Val Phe Leu Tyr Phe Lys     |     |
| 100 105 110                                                         |     |
| gat ctg cga tgt tta cga aac aca att cat act aat tta atg tct aca     | 384 |
| Asp Leu Arg Cys Leu Arg Asn Thr Ile His Thr Asn Leu Met Ser Thr     |     |
| 115 120 125                                                         |     |
| tac ata tta tca gct tgt agt tgg att tta aat tta gtt tta caa aac     | 432 |
| Tyr Ile Leu Ser Ala Cys Ser Trp Ile Leu Asn Leu Val Leu Gln Asn     |     |
| 130 135 140                                                         |     |
| tgg tcg gac gaa tct cag caa gac cag acg tcg tgt atg ata ctc gtc     | 480 |
| Trp Ser Asp Glu Ser Gln Gln Asp Gln Thr Ser Cys Met Ile Leu Val     |     |
| 145 150 155 160                                                     |     |
| att tgt atg aac tat ttc tat tta act aat ttc ttc tgg atg ttg gtg     | 528 |
| Ile Cys Met Asn Tyr Phe Tyr Leu Thr Asn Phe Phe Trp Met Leu Val     |     |
| 165 170 175                                                         |     |
| gaa ggt tta tat ctc tac atg cta gtc gtc gaa act ttt aca gcg gag     | 576 |
| Glu Gly Leu Tyr Leu Tyr Met Leu Val Val Glu Thr Phe Thr Ala Glu     |     |
| 180 185 190                                                         |     |
| aat att aaa tta aaa gta tat acc act att ggc tgg ggt gct cca gct     | 624 |
| Asn Ile Lys Leu Lys Val Tyr Thr Thr Ile Gly Trp Gly Ala Pro Ala     |     |
| 195 200 205                                                         |     |
| gta ttt att acg ata tgg gtg ata tca agg tgt ttt gtt aac gtt ttg     | 672 |
| Val Phe Ile Thr Ile Trp Val Ile Ser Arg Cys Phe Val Asn Val Leu     |     |
| 210 215 220                                                         |     |

10

20

30



ccg tca acg ggg cct gat gga ttg gcg atg ttc cct gaa gca aag atg 720  
 Pro Ser Thr Gly Pro Asp Gly Leu Ala Met Phe Pro Glu Ala Lys Met  
 225 230 235 240  
 tgc ata tgg atg cat gaa cac caa gtg gac tgg ata cac aaa gcg cca 768  
 Cys Ile Trp Met His Glu His Gln Val Asp Trp Ile His Lys Ala Pro  
 245 250 255  
 gca ctt gtt ggt ctc gct ctt aat ctg ttc ttc ctc att agg att atg 816  
 Ala Leu Val Gly Leu Ala Leu Asn Leu Phe Phe Leu Ile Arg Ile Met  
 260 265 270  
 tgg gtg ctg atc acg aaa ctc cgt tcc gcc aac acg cta gag act gag 864  
 Trp Val Leu Ile Thr Lys Leu Arg Ser Ala Asn Thr Leu Glu Thr Glu  
 275 280 285  
 caa tac cgg aag gct acc aaa gcg ctt cta gtc ctc ata ccc ttg ctg 912  
 Gln Tyr Arg Lys Ala Thr Lys Ala Leu Leu Val Leu Ile Pro Leu Leu  
 290 295 300  
 ggt ata acc aac ctc ctg gtc ctc tgc gcc cct agt gac gac tcc tgg 960  
 Gly Ile Thr Asn Leu Leu Val Leu Cys Gly Pro Ser Asp Asp Ser Trp  
 305 310 315 320  
 ttc gca tac gca ttt gat tac act agg gcg ctt atg tta tcg aca cag 1008  
 Phe Ala Tyr Ala Phe Asp Tyr Thr Arg Ala Leu Met Leu Ser Thr Gln  
 325 330 335  
 ggc ttc acg gta gct ctg ttc tac tgc ttc atg aac act gag gtc cgg 1056  
 Gly Phe Thr Val Ala Leu Phe Tyr Cys Phe Met Asn Thr Glu Val Arg  
 340 345 350  
 cac gcg atc agg tac cac gtg gaa aga tgg aag act ggt cgg acc atc 1104  
 His Ala Ile Arg Tyr His Val Glu Arg Trp Lys Thr Gly Arg Thr Ile  
 355 360 365  
 ggc ggg ggg agg cgg cga ggc gcc tct tac tct aag gac tgg tct ccg 1152  
 Gly Gly Gly Arg Arg Arg Gly Ala Ser Tyr Ser Lys Asp Trp Ser Pro  
 370 375 380  
 aga tcg cgg acc gaa agc ata agg ctc aca gta tga a 1189  
 Arg Ser Arg Thr Glu Ser Ile Arg Leu Thr Val  
 385 390 395

<210> 108  
 <211> 395  
 <212> PRT  
 <213> Manduca sexta

<400> 108

Met Ala Glu Glu Cys Leu Ala Arg Lys Phe Asn Leu Ser Asp Asn Tyr  
 1 5 10 15

Cys Pro Ala Tyr Phe Asp Gly Leu Leu Cys Trp Asp Pro Thr Pro Trp  
 20 25 30

10

20

30

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

10

20

30

Trp Val Leu Ile Thr Lys Leu Arg Ser Ala Asn Thr Leu Glu Thr Glu  
 275 280 285

Gln Tyr Arg Lys Ala Thr Lys Ala Leu Leu Val Leu Ile Pro Leu Leu  
 290 295 300

Gly Ile Thr Asn Leu Leu Val Leu Cys Gly Pro Ser Asp Asp Ser Trp  
 305 310 315 320

Phe Ala Tyr Ala Phe Asp Tyr Thr Arg Ala Leu Met Leu Ser Thr Gln  
 325 330 335

Gly Phe Thr Val Ala Leu Phe Tyr Cys Phe Met Asn Thr Glu Val Arg  
 340 345 350

His Ala Ile Arg Tyr His Val Glu Arg Trp Lys Thr Gly Arg Thr Ile  
 355 360 365

Gly Gly Gly Arg Arg Arg Gly Ala Ser Tyr Ser Lys Asp Trp Ser Pro  
 370 375 380

Arg Ser Arg Thr Glu Ser Ile Arg Leu Thr Val  
 385 390 395

<210> 109  
 <211> 35  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

<220>  
 <223> primer

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (1)..(35)  
 <223> n= inosine

<400> 109  
 gcatgtctag agngaybtn tggtyhsnr tntgg

35

<210> 110  
 <211> 35  
 <212> DNA  
 <213> artificial sequence

<220>  
 <223> primer

10

20

30

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1)..(35)  
<223> n=inosine

<400> 110  
gcatgaagct tngtyttnge ngcyttngty tccat

35

<210> 111  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> synthetic oligonucleotide

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1)..(26)  
<223>

10

<400> 111  
ggatggaagc cgtgcacatc cayacg

26

<210> 112  
<211> 24  
<212> DNA  
<213> synthetic oligonucleotide

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1)..(24)  
<223>

20

<400> 112  
ggcaggggaac tgacggagag cagg

24

## 【国際調査報告】

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>INTERNATIONAL SEARCH REPORT</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                       | International application No.<br>PCT/US02/40525                                      |
| <b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b><br>IPC(7) : C07K 14/00; C07H 21/04<br>US CL : 530/350; 536/23.5<br>According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
| <b>B. FIELDS SEARCHED</b><br>Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)<br>U.S. : 530/350; 536/23.5<br><br>Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched<br><br>Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)<br>SPTRMBL, Issued AA, PIR, Swiss-Prot, GenBank, EMBL, IssuedNA, N-Geneseq, EASY, and Medline                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
| <b>C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
| Category *                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                    | Relevant to claim No.                                                                |
| X                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | WO 01/70980 A2 (CRAVCHIK) 27 September 2001 (27.09.2001).<br>The amino acid sequence of the GPCR set forth in SEQ ID NO: 111 shares 99.8% sequence identity to SEQ ID NO: 2 of the present invention. | 1, 19                                                                                |
| X                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              | WO 01/71042 A2 (VENTER, et al.) 27 September 2001 (27.09.2001).<br>The amino acid sequence of SEQ ID NO: 41405 is 99.8% identical to SEQ ID NO: 2 of the present invention.                           | 1, 19                                                                                |
| <input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/> See patent family annex.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
| * Special categories of cited documents:<br>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance<br>"B" earlier application or patent published on or after the international filing date<br>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)<br>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means<br>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed<br>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention<br>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone<br>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art<br>"&" document member of the same patent family |                                                                                                                                                                                                       |                                                                                      |
| Date of the actual completion of the international search<br>31 October 2003 (31.10.2003)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                                       | Date of mailing of the international search report<br>15 JUN 2004                    |
| Name and mailing address of the ISA/US<br>Mail Stop PCT, Attn: ISA/US<br>Commissioner for Patents<br>P.O. Box 1450<br>Alexandria, Virginia 22313-1450<br>Facsimile No. (703)305-3230                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |                                                                                                                                                                                                       | Authorized officer<br>Ruixiang Li <i>Ruixiang Li</i><br>Telephone No. (703) 308-0196 |

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US02/40525

**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of Item 1 of first sheet)**

This international report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claim Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claim Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claim Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of Item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:  
Please See Continuation Sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: 1 and 19, drawn to the amino acid sequence of SEQ ID NO: 2.

**Remark on Protest** ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

PCT/US02/40525

**BOX II. OBSERVATIONS WHERE UNITY OF INVENTION IS LACKING**

This application contains the following inventions or groups of inventions which are not so linked as to form a single general inventive concept under PCT Rule 13.1. In order for all inventions to be examined, the appropriate additional examination fees must be paid.

I. Claims 1 and 19, drawn to an isolated polypeptide or a chimeric G protein coupled receptor cassette comprising a DNA binding domain, a ligand binding domain, and an activation or repression domain.

II. Claims 2-6, drawn to an isolated nucleic acid molecule.

III. Claim 7, drawn to a method of detecting a nucleic acid molecule.

IV. Claim 8, drawn to an antibody.

V. Claim 9, drawn to a method for producing an antibody.

VI. Claim 10, drawn to a method for detecting a level of G protein coupled receptor polypeptide.

VII. Claim 11 and 12, drawn to a method for identifying a substance that modulates G protein coupled receptor functions.

VIII. Claims 13-18, drawn to a method for preventing or abrogating an insect or nematode infestation of a plant.

IX. Claims 20 and 21, drawn to a method of inducing expression of a target nucleotide sequence.

The inventions listed as Groups I-IX do not relate to a single general inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, they lack the same or corresponding special technical features for the following reasons:

The technical feature linking the inventions of Groups I-IX appears to be that they all relate to the insect G protein coupled receptors and encoding nucleic acids. However, both Cravchik et al. (WO200170980-A2, 27 September 2001) and Venter et al. (WO200171042-A2, 27 September 2001) teach a G protein-coupled receptor protein which shares 99.8 % identity with the amino acid sequence set forth in SEQ ID NO: 2 and a nucleic acid molecule that shares 98.3% identity to the nucleic acid sequence of SEQ ID NO: 1.

Therefore, the technical feature linking the inventions of Groups I-IX does not constitute a special technical feature as defined by PCT Rule 13.2, as it does not define a contribution over the prior art.

The special technical feature of Group I is considered to be an isolated polypeptide.

The special technical feature of Group II is considered to be an isolated nucleic acid.

The special technical feature of Group III is considered to be a method of detecting a nucleic acid molecule.

The special technical feature of Group IV is considered to an antibody.

The special technical feature of Group V is considered to a method for producing an antibody.

The special technical feature of Group VI is considered to a method for detecting a level of G protein coupled receptor polypeptide.

The special technical feature of Group VII is considered to a method for identifying a substance that modulates G protein coupled receptor functions.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

PCT/US02/40525

The special technical feature of Group VIII is considered to a method for preventing or abrogating an insect or nematode infestation of a plant.

The special technical feature of Group IX is considered to a method of inducing expression of a target nucleotide sequence.

Accordingly, Groups I-IX are not so linked by the same or a corresponding special technical feature as to form a single general inventive concept.

Furthermore, this application contains claims directed to more than one species of the generic invention. These species are deemed to lack unity of invention because they are not so linked as to form a single general inventive concept under PCT Rule 13.1.

In order for more than one species to be examined, the appropriate additional examination fees must be paid. The species are as follows:

SEQ ID NOS: 1-108. The species listed above do not relate to a single general inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, the species lack the same or corresponding special technical features for the following reason: each nucleic acid sequence or amino acid sequence set forth in the SEQ ID NO represents a structurally and functionally distinct entity.



## フロントページの続き

| (51)Int.Cl. <sup>7</sup> | F I           | テーマコード (参考) |
|--------------------------|---------------|-------------|
| C 1 2 Q 1/68             | G 0 1 N 33/15 | C           |
| G 0 1 N 33/15            | G 0 1 N 33/15 | Z           |
| G 0 1 N 33/50            | G 0 1 N 33/50 | Z           |
| G 0 1 N 33/53            | G 0 1 N 33/53 | D           |
|                          | C 1 2 N 5/00  | B           |
|                          | C 1 2 N 5/00  | C           |

(81)指定国 AP(GH,GM,KE,LS,MW,MZ,SD,SL,SZ,TZ,UG,ZM,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,MD,RU,TJ,TM),EP(AT,BE,BG,CH,CY,CZ,DE,DK,EE,ES,FI,FR,GB,GR,IE,IT,LU,MC,NL,PT,SE,SI,SK,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA,GN,GQ,GW,ML,MR,NE,SN,TD,TG),AE,AG,AL,AM,AT,AU,AZ,BA,BB,BG,BR,BY,BZ,CA,CH,CN,CO,CR,CU,CZ,DE,DK,DM,DZ,EC,EE,ES,FI,GB,GD,GE,GH,GM,HR,HU,ID,IL,IN,IS,JP,KE,KG,KP,KR,KZ,LC,LK,LR,LS,LT,LU,LV,MA,MD,MG,MK,MN,MW,MX,MZ,NO,NZ,OM,PH,PL,PT,RO,RU,SC,SD,SE,SG,SK,SL,TJ,TM,TN,TR,TT,TZ,UA,UG,US,UZ,VC,VN,YU,ZA,ZM,ZW

- (72)発明者 スパナ, エリック  
アメリカ合衆国, ノースカロライナ 27709, リサーチ トライアングル パーク, コーンウ  
ォーリス ロード 3054
- (72)発明者 カムダール, キム  
アメリカ合衆国, カリフォルニア 92121, サンディエゴ, メリーフィールド ロウ 311  
5, トリー メサ リサーチ インスティトゥート
- (72)発明者 スタム, リン  
アメリカ合衆国, ノースカロライナ 27709, リサーチ トライアングル パーク, コーンウ  
ォーリス ロード 3054
- (72)発明者 バレンタイン, スコット  
アメリカ合衆国, ノースカロライナ 27709, リサーチ トライアングル パーク, コーンウ  
ォーリス ロード 3054, シンジェンタ バイオテクノロジー, インコーポレイティド
- (72)発明者 グリスウォルド, チャールズ マイケル  
アメリカ合衆国, ノースカロライナ 27709, リサーチ トライアングル パーク, コーンウ  
ォーリス ロード 3054, シンジェンタ バイオテクノロジー, インコーポレイティド

F ターム(参考) 2G045 AA34 AA35 CB01 CB17 DA13 DA36 FB03  
4B024 AA05 AA07 AA11 BA63 CA04 DA01 DA02 DA06 EA04 FA02  
GA11 HA12  
4B063 QA01 QQ08 QQ42 QR32 QR55 QR62 QS25 QS34  
4B065 AA26X AA90X AA90Y AB01 AC14 BA02 CA24 CA48  
4H045 AA10 BA10 CA51 DA50 EA50 FA71

|                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |         |            |
|----------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------|------------|
| 专利名称(译)        | 昆虫G蛋白偶联受体基因及其用途                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |         |            |
| 公开(公告)号        | <a href="#">JP2005512539A</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 公开(公告)日 | 2005-05-12 |
| 申请号            | JP2003552945                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | 申请日     | 2002-12-18 |
| [标]申请(专利权)人(译) | 先正达公司参股Schons的股份公司                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |         |            |
| 申请(专利权)人(译)    | 先正达公司参股Schons的股份公司                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |         |            |
| [标]发明人         | スパナエリック<br>カムダールキム<br>スタムリン<br>バレンタインスコット<br>グリスウォルドチャールズマイケル                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |         |            |
| 发明人            | スパナ,エリック<br>カムダール,キム<br>スタム,リン<br>バレンタイン,スコット<br>グリスウォルド,チャールズ マイケル                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |         |            |
| IPC分类号         | G01N33/50 C07K14/435 C07K14/705 C07K16/28 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/09 C12N15/82 C12Q1/68 G01N33/15 G01N33/53                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |         |            |
| CPC分类号         | C12N15/8286 C07K14/43563 Y02A40/162                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |         |            |
| FI分类号          | C12N15/00.ZNA.A C07K14/705 C07K16/28 C12N1/21 C12Q1/68.A G01N33/15.C G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.D C12N5/00.B C12N5/00.C                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |         |            |
| F-TERM分类号      | 2G045/AA34 2G045/AA35 2G045/CB01 2G045/CB17 2G045/DA13 2G045/DA36 2G045/FB03 4B024/AA05 4B024/AA07 4B024/AA11 4B024/BA63 4B024/CA04 4B024/DA01 4B024/DA02 4B024/DA06 4B024/EA04 4B024/FA02 4B024/GA11 4B024/HA12 4B063/QA01 4B063/QQ08 4B063/QQ42 4B063/QR32 4B063/QR55 4B063/QR62 4B063/QS25 4B063/QS34 4B065/AA26X 4B065/AA90X 4B065/AA90Y 4B065/AB01 4B065/AC14 4B065/BA02 4B065/CA24 4B065/CA48 4H045/AA10 4H045/BA10 4H045/CA51 4H045/DA50 4H045/EA50 4H045/FA71 |         |            |
| 代理人(译)         | 青木 笃<br>石田 敬<br>渡边洋一<br>西山雅也                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |         |            |
| 优先权            | 60/341512 2001-12-18 US                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |         |            |
| 其他公开文献         | JP2005512539A6                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |         |            |
| 外部链接           | <a href="#">Espacenet</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |         |            |

#### 摘要(译)

本发明提供了编码昆虫G蛋白偶联受体GPCR多肽的分离的核酸，分离的昆虫GPCR多肽及其用途。还提供了鉴定重组蛋白和这些蛋白抑制剂的方法。揭示的昆虫GPCR核酸和多肽可用于筛选测定以鉴定化合物的调节。在本文公开的方法中有活性的蛋白质抑制剂可用作杀虫剂，外寄生虫，抗寄生虫剂，抗蕈螨剂和杀螨剂。

| SEQ ID NOS. | 発明者の称呼            |
|-------------|-------------------|
| 1-2         | Adenosine 99E1    |
| 3-4         | Allatostatin 3E1  |
| 5-6         | Gastrin 2C3       |
| 7-8         | wormlike 4F9      |
| 9-10        | Dopamine 6D7      |
| 11-12       | Lymnokinin 11D9   |
| 13-14       | mthlike1 15A      |
| 15-16       | gastrin 17E3      |
| 17-18       | CCK-X 26A1        |
| 19-20       | neuroYY 26B1      |
| 21-22       | GRHR 27A2         |
| 23-24       | Bombesin 42A10    |
| 25-26       | Latrophilin 44D4  |
| 27-28       | wormlike 47E      |
| 29-30       | Calcitonin 49F9   |
| 31-32       | DiureticHor2 51A1 |
| 33-34       | mthlike3 54B16    |
| 35-36       | bombesin 54D4     |
| 37-38       | 5-HT1A 56A        |
| 39-40       | mAcR-60C          |
| 41-42       | Adrenergic 60D1   |
| 43-44       | mthlike9 61C      |
| 45-46       | mthlike10 61C1    |
| 47-48       | wormlike 62       |
| 49-50       | wormlike 63A3     |
| 51-52       | adrenergic 64C    |