

(19)日本国特許庁 (J P)

(12) 公表特許公報 (A) (11)特許出願公表番号

特表2003 - 533178

(P2003 - 533178A)

(43)公表日 平成15年11月11日(2003.11.11)

(51) Int.Cl ⁷	識別記号	F I	テ-マコード* (参考)
C 1 2 N 15/09	ZNA	A 6 1 P 3/10	2 G 0 4 5
A 6 1 K 38/00		9/00	4 B 0 2 4
A 6 1 P 3/10		9/06	4 C 0 8 4
		9/00	4 H 0 4 5
		9/06	

審査請求 未請求 予備審査請求 (全334数) 最終頁に続く

(21)出願番号 特願2001 - 549679(P2001 - 549679)

(86) (22)出願日 平成12年12月28日(2000.12.28)

(85)翻訳文提出日 平成14年7月1日(2002.7.1)

(86)国際出願番号 PCT/US00/35431

(87)国際公開番号 W001/049312

(87)国際公開日 平成13年7月12日(2001.7.12)

(31)優先権主張番号 60/173,754

(32)優先日 平成11年12月30日(1999.12.30)

(33)優先権主張国 米国(US)

(31)優先権主張番号 60/214,263

(32)優先日 平成12年6月26日(2000.6.26)

(33)優先権主張国 米国(US)

(71)出願人 ユニバーシティ・オブ・ユタ・リサーチ・
ファウンデーション
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイク
・シティ、アラピーン・ドライブ615番、ス
ウィート110

(71)出願人 コグネティックス・インコーポレイテッド
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイク
・シティ、ワカラ・ウェイ421番、スウィー
ト201

(72)発明者 バルドメロ・エム・オリベラ
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイク
・シティ、ブライアン・アベニュー1370番

(74)代理人 弁理士 青山 稔 (外2名)

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 O - スーパーファミリー・コノトキシシンペプチド

(57)【要約】

とりわけ、アミロイドまたはその凝集体とナトリウムチャネルとの間の相互作用の驚くべき観察に基づいた疾患 (例えば、アルツハイマー病) のアッセイ方法ならびに診断および治療の方法が提供される。特に、この相互作用を変調する化合物を同定する方法、ならびにこの相互作用に基づく診断および治療の方法が提供される。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 表2に記載されたペプチドから選択された実質的に純粋なO-スーパーファミリー・コノペプチド。

【請求項2】 ペプチド Di6.2、Af6.9、KK1、KK2、-GmVIA、M6.4、-PVIA、-PVIA-OH、-NgVIA、-TxVIAおよびイスラエルTxVIA以外の表1に開示された成熟毒素ペプチド配列よりなる群から選択される実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項3】 Xaa₁がGluである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項4】 Xaa₅がTyrである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項5】 Xaa₄がTrpである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項6】 Xaa₂がGlnである請求項2の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項7】 Xaa₃がProである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項8】 Xaa₃がヒドロキシ-Proである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項9】 Xaa₅が、¹²⁵I-Tyr、モノ-ヨードTyrまたはジ-ヨード-Tyrである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項10】 Xaa₄が6-プロモ-Trpである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項11】 Xaa₁がGlaである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項12】 Xaa₂がピロ-Gluである請求項2記載の実質的に純粋なコノトキシンペプチド。

【請求項13】 表1に記載されたアミノ酸配列の群から選択されたアミノ

酸配列を含むO - スーパーファミリー・コノトキシン前駆体をコードする核酸を含む単離核酸。

【請求項14】 該核酸が、表1に記載されたヌクレオチド配列またはそれらの相補体の群から選択されたヌクレオチド配列を含む請求項13記載の核酸。

【請求項15】 表1に記載されたアミノ酸配列の群から選択されたアミノ酸配列を含む実質的に純粋なコノトキシン蛋白質前駆体。

【請求項16】 コノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩、および医薬上許容される担体を含み、該コノトキシンペプチドが請求項1記載のコノトキシンペプチドである医薬組成物。

【請求項17】 コノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩、および医薬上許容される担体を含み、該コノトキシンペプチドが請求項2記載のコノトキシンペプチドである医薬組成物。

【請求項18】 それを必要とする個人におけるナトリウムチャネルを介するナトリウム流を変調する方法であって、治療上有効量の請求項1記載のコノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩を投与することを特徴とする該方法。

【請求項19】 電位依存性イオンチャネル障害と関連した疾患を治療または予防する方法であって、それを必要とする患者に治療上有効量の請求項1記載のコノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩を投与することを含むことを特徴とする該方法。

【請求項20】 それを必要とする該個人が、多発性硬化症、（急性散在性脳脊髄炎、視神経脊髄炎、副腎脳白質萎縮症、急性横断性脊髄炎、進行性多病巣性白質脳症のごとき）他の脱髄疾病、亜急性硬化性全脳脊髄炎（SSPE）、異染性白質萎縮症、メルツバッチャー - ペリツェーウス病、脊髄損傷、ボツリヌス菌毒素中毒、ハンチントン舞蹈病、（手根管症候群、尺骨神経麻痺のごとき）圧迫性およびエントラップの神経障害、（不整脈、鬱血心不全のごとき）心血管障害、反応性神経膠症、高血糖、免疫抑制、コカイン中毒、癌、認識機能障害、（イートン・ランバート症候群のごとき）神経伝達物質放出の欠損に起因する障害、ならびにクラレおよび神経筋遮断薬の作用の逆転よりなる群から選択される

障害に苦しむことを特徴とする請求項18記載の方法。

【請求項21】 該障害が神経障害であることを特徴とする請求項19記載の方法。

【請求項22】 該神経障害が発作であることを特徴とする請求項19記載の方法。

【請求項23】 該発作が、癲癇に関連することを特徴とする請求項22記載の方法。

【請求項24】 該神経障害が、低酸素症、酸素欠乏症または虚血性疾患に関連する神経毒性損傷であることを特徴とする請求項21記載の方法。

【請求項25】 該神経毒性損傷が、発作、脳血管事故、脳または脊髄外傷、心筋梗塞、身体的外傷、溺死、窒息、分娩仮死または低血糖事象に関連することを特徴とする請求項24記載の方法。

【請求項26】 該障害が痛みであることを特徴とする請求項19記載の方法。

【請求項27】 該痛みが、片頭痛、急性苦痛、持続性痛、神経障害性痛または侵害受容性痛であることを特徴とする請求項26記載の方法。

【請求項28】 該障害が炎症であることを特徴とする請求項19記載の方法。

【請求項29】 該障害が心血管障害であることを特徴とする請求項19記載の方法。

【請求項30】 請求項1記載のコノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩を含む活性薬剤の痛みを緩和する量を、痛みを示しているまたは痛みを引き起こす事象に付されようとする哺乳動物に投与することを特徴とする痛みを緩和する方法

【請求項31】 K_{ATP} チャネルを活性化することによって興奮性の膜の基の脱分極と関連する障害を治療する方法であって、請求項1記載のコノトキシンペプチドまたはその医薬上許容される塩を含む有効成分の有効量をそれを必要とする個人に投与することを特徴とする該方法。

【請求項32】 該障害が心臓虚血であることを特徴とする請求項31記載

の方法。

【請求項33】 該障害が大脳虚血であることを特徴とする請求項31記載の方法。

【請求項34】 該障害が喘息であることを特徴とする請求項31記載の方法。

【請求項35】 該障害が眼虚血であることを特徴とする請求項31記載の方法。

【請求項36】 O - スーパーファミリー・コノトキシンの治療上の活性を模倣する化合物を同定する方法であって、(a) テスト化合物に対する生物学的アッセイを行って、治療上の活性を測定し；次いで、(b) 該テスト化合物の生物学的アッセイから得られた結果を、O - スーパーファミリー・コノトキシンの生物学的アッセイから得られた結果と比較する工程を含むことを特徴とする該方法。

【請求項37】 請求項1記載のペプチドの置換体を含む実質的に純粋なO - スーパーファミリー・コノトキシンのペプチド誘導体。

【請求項38】 請求項2記載のペプチドの置換体を含む実質的に純粋なO - スーパーファミリー・コノトキシンのペプチド誘導体。

【発明の詳細な説明】**【0001】**

本発明は、メリーランド州ベセスダのアメリカ国立予防衛生研究所の国立一般医学研究所 (National Institute of General Medical Sciences) によって授けられた助成金番号 P O 1 G M 4 8 6 7 7 下の政府援助によりなされた。合衆国政府は本発明にある種の権利を有する。

【0002】**発明の背景**

本発明は、(本明細書において、O-スーパーファミリー・コノトキシンと称する) 約20~40残基長の比較的短いペプチドに関し、これはイモガイ (cone snail) の毒液中に微量で天然に入手可能であり、または天然に入手可能なペプチドに類似し、これらは好ましくは3つのジスルフィド結合を含む。

【0003】

本発明の背景を説明する場合、特に、実施に関するさらなる詳細を提供する場合において、本明細書中で用いる刊行物および他の資料は、出典明示して本明細書の一部とみなし、利便のため、以下の本文中では著者および日付で参照して、添付の出典リストにおいて著者のアルファベット順で列記する。

【0004】

コーヌス (Conus) は、被食体に毒液を注入する捕食性海洋腹足動物 (巻貝) の属である。有毒なイモガイは、高度に発達した毒液器官を用いて、有毒なコノトキシンのそれらのカクテルをそれらの被食体に送達する。Conus magusのごとき捕食性種において、該イモガイは、そのサイホン中の化学的感覚器を用いて魚の存在を検知する。該イモガイは閉められる場合その口を十分に延ばし、毒液を含有する中空の鋸様の歯を放つ。これは、魚を不動とさせ、イモガイがその吻の端にて保持された歯を介してその口にそれを巻き込むのを可能とする。コーヌスおよびそれらの毒液に関する一般的な情報については、ウェブサイトアドレス <http://grimwade.biochem.unimelb.edu.au/cone/referenc.html> を参照されたし。被食体捕捉は、特殊なイオンチャネルおよび受容体サブタイプを標的とするペプチドの精巧な蓄積を通して達成される。各コーヌス種の毒液は、50~200ペ

プチドのユニークな組を含有するらしい。毒液の組成は、種間および各種内の個々の巻貝間で大きく異なり、各々は、その被食体を麻痺させるように最適に進化している。毒液の有効成分は、小さなペプチド毒素、典型的には長さが12~30個のアミノ酸残基で、高密度のジスルフィド結合のために典型的には高度に制限されたペプチドである。

【0005】

該毒液は、分離される場合、ある範囲の生物学的活性を示し；マウスに注射される場合、それらはある範囲のショックないし抑制の生理学的な応答を得る非常に多数の異なるペプチドよりなる。最近の研究の焦点となっている毒液の麻痺性成分は、 α -、 β -および μ -コノトキシンである。これらのコノトキシンの全てが、神経伝達を妨害することによって作用するが、各々は、プロセスの異なる点を標的として、これを達成する。該 β -コノトキシンは、ニコチン性のリガンド感受性 (ligand gated) チャネルを標的とし、該 μ -コノトキシンは、電位依存性 (voltage-gated) ナトリウムチャネルを標的とし、 α -コノトキシンは、電位依存性カルシウムチャネルを標的とする (Oliveraら、1985；Oliveraら、1990)。例えば、結合は、 α -、 β -A-および β -コノトキシンとニコチン性リガンド感受性イオンチャネルとの間； β -コノトキシンと電位依存性カルシウムチャネルとの間； μ -コノトキシンと電位依存性ナトリウムチャネルとの間； α -コノトキシンと電位依存性ナトリウムとの間； β -コノトキシンと電位依存性カリウムチャネルとの間；コナントキン (conantokin) とリガンド感受性グルタミン酸 (NMDA) チャネルとの間で確立されている。5つの β -コノトキシンが記載されている：GmVIA (米国特許第5,719,246号)；PVIA (米国特許第5,739,276号)；TxVIA (Hillyardら、1989；Fainzilberら、1991)；TxVIB (Fainzilberら、1991)；NgVIA (Fainzilberら、1995)；およびTxIIA (Nakamuraら、1996)。コーヌスペプチドおよびそれらのアミノ酸配列の部分的なリストについては、ウェブサイトアドレス<http://pir.georgetown.edu>を参照されたし。

【0006】

しかしながら、これらのペプチドの少数だけの構造および機能が現在決定され

ている。機能が決定されたペプチドでは、3つのクラスの標的：電位依存性イオンチャンネル；リガンド感受性イオンチャンネルおよびGタンパク結合受容体が評価された。

【0007】

電位依存性イオンチャンネルを標的とするコーヌスペプチドには、ナトリウムチャンネルの不活性化を遅延させるもの、ならびにナトリウムチャンネル、カルシウムチャンネルおよびカリウムチャンネルに特異的なブロッカーが含まれる。リガンド感受性イオンチャンネルを標的とするペプチドには、NMDAおよびセロトニン受容体のアンタゴニスト、ならびに競合的および非競合的なニコチン性受容体アンタゴニストが含まれる。G-タンパク受容体に作用するペプチドには、ニューロテンシンおよびバソプレシンの受容体アゴニストが含まれる。コノトキシンの新しい医薬上の選択性は、少なくとも部分的に、ジスルフィド・ループ内の超可変性アミノ酸と結合した特異的ジスルフィド結合骨格によって規定される（概説につきMcIntoshら、1998参照）。

【0008】

カリウムチャンネルは、細胞膜電位の維持によって、正常な生物学的機能において重要である大きくかつ種々の群の蛋白質を含む。これらのチャンネルは、興奮性細胞における静止膜電位を制御するのに活性であり、3つのクラス：電位依存性 K^+ チャンネル、 Ca^{++} 活性化 K^+ チャンネルおよびATP-感受性 K^+ チャンネルに広く細分類できる。多数の障害が、これらのチャンネルを介してカリウムイオンの異常な流れと関連付けられる。各々のこれらのチャンネルタイプを介するカリウムイオンの流れを変調する薬剤の同定は、かかる異常な流れと関連付けられる障害を治療するのに有用であろう。

【0009】

上記のコノペプチドの活性を有するさらなるコノトキシンペプチド、ならびにさらなる活性を有するコノトキシンペプチドを同定することが望ましい。

【0010】

発明の概要

本発明は、（本明細書において、O-スーパーファミリー・コノトキシンと称

する)約20~40残基長の比較的短いペプチドに関し、これはイモガイの毒液中に微量で天然に入手可能であり、または天然に入手可能なペプチドに類似し、これらは好ましくは3つのジスルフィド結合を含む。O-スーパーファミリー・コノトキシンには、 α -コノトキシン、 β -コノトキシン、 γ -コノトキシン、 μ O-コノトキシンおよびGSコノトキシンが含まれる。

【0011】

かくして、1つの具体例において、本発明は、表2に記載されたコノトキシンペプチドおよび表1に記載された対応するペプチドに指向される。

【0012】

第2の態様において、本発明は、表1に記載されたプロペプチドおよびプロペプチドまたはペプチドをコードする核酸配列に指向される。

【0013】

第3の具体例において、本発明は、本明細書に開示されたコノトキシンペプチドの誘導体または医薬上許容される塩に指向される。誘導体の例には、該Arg残基は、Lys、オルニチン、ホモアルギニン、ノル-Lys、N-メチル-Lys、N,N-ジメチル-Lys、N,N,N-トリメチル-Lysまたはいずれかの合成塩基性アミノ酸によって置換でき；該Lys残基は、Arg、オルニチン、ホモアルギニン、ノル-Lysまたはいずれかの合成塩基性アミノ酸によって置換でき；該Tyr残基は、¹²⁵I-Tyr、メタ-Tyr、オルト-Tyr、ノル-Tyr、モノ-ハロ-Tyr、ジ-ハロ-Tyr、O-スルホ-Tyr、O-ホスホ-Tyr、ニトロ-Tyrまたはいずれかの合成ヒドロキシ含有アミノ酸で置換でき；該Ser残基は、Thrまたはいずれかの合成ヒドロキシル化アミノ酸で置換でき；該Thr残基は、Serまたはいずれかの合成ヒドロキシル化アミノ酸で置換でき；該Phe残基は、いずれかの合成芳香族アミノ酸で置換でき；該Trp残基は、Trp(D)、ネオ-Trp、ハロ-Trp(DまたはL)またはいずれか合成芳香族アミノ酸で置換でき；および該Asn、Ser、ThrまたはHyp残基はグリコシル化できる。該ハロゲン、ヨード、クロロまたはブロモ；好ましくは、ハロゲン置換-Tyrにつきヨードおよびハロゲン置換-Trpにつきブロモである。また、該Tyr残基は、3-ヒドロキ

シルまたは2-ヒドロキシル異性体(各々、メタ-Tyrまたはオルト-Tyr)ならびに対応するO-スルホ-およびO-ホスホ-誘導体で置換できる。酸性アミノ酸残基は、いずれの合成酸性アミノ酸、例えば、GlyおよびAlaのテトラゾリル誘導体で置換できる。脂肪族アミノ酸は、非天然脂肪族の $n = 8$ 以下の分岐鎖または直鎖 C_nH_{2n+2} を持つ合成誘導体によって置換できる。該Leu残基は、Leu(D)で置換できる。該Glu残基は、Glaで置換できる。該Gla残基は、Gluで置換できる。該Met残基は、ノルロイシン(Nle)で置換できる。該Cys残基は、DもしくはL配置であり得、所望によりホモシステイン(DもしくはL)で置換されていてもよい。

【0014】

合成芳香族アミノ酸の例には、限定されるものではないが、ニトロ-Phe、4-置換-Phe(ここに、置換基は $C_1 - C_3$ アルキル、カルボキシル、ヒドロキシメチル、スルホメチル、ハロ、フェニル、-CHO、-CN、-SO₃Hおよび-NHAcである)のごときが含まれる。合成ヒドロキシ含有アミノ酸の例には、限定されるものではないが、4-ヒドロキシメチル-Phe、4-ヒドロキシフェニル-Gly、2,6-ジメチル-Tyrおよび5-アミノ-Tyrのごときが含まれる。合成塩基性アミノ酸の例には、限定されるものではないが、N-1-(2-ピラゾジリニル)-Arg、2-(4-ピペリジニル)-Gly、2-(4-ピペリニル)-Ala、2-[3-(2S)ピロリジニル]-Glyおよび2-[3-(2S)ピロリジニル]-Alaが含まれる。これらおよび他の合成塩基性アミノ酸、合成ヒドロキシ含有アミノ酸または合成芳香族アミノ酸は、RSP Amino Acid Analogues, Inc.社、Worcester, MAによるおよびそこから入手可能であるBuilding Block Index, Version 3.0(1999カタログ、ヒドロキシ含有アミノ酸および芳香族アミノ酸については4~47頁に、および塩基性アミノ酸については66~87頁に記載されており;また、<http://www.amino-acids.com>も参照されたし)(これらをここに出典明示して本明細書の一部とみなす)に記載されている。保護基を含有する残基は、通常の手法を用いて脱保護される。合成酸性アミノ酸の例には、各々出典明示して本明細書の一部とみなす、Ornsteinら(1993)によっておよび米国特許第5,331,0

01号に記載されるごとき、カルボキシル、リン酸、スルホン酸ならびに合成テトラゾリル誘導体を含む酸性官能基を持つそれらの誘導体が含まれる。

【0015】

所望により、本発明のペプチドにおいては、Asn残基は修飾されてN-グリカンを含んでいてもよく、SerおよびThrおよびHyp残基は修飾されてO-グリカン(例えば、g-N、g-S、g-Tおよびg-Hyp)を含んでいてもよい。本発明によれば、グリカンはいずれかのN-、S-またはO-結合した単-、二-、三-、多-またはオリゴ糖を意味し、それらは当該技術分野で知られている合成または酵素法によって天然または修飾アミノ酸のいずれかのヒドロキシ、アミノまたはチオール基に結合することができる。グリカンを構成する単糖には、D-アロース、D-アルトロース、D-グルコース、D-マンノース、D-グロース、D-イドース、D-ガラクトース、D-タロース、D-ガラクトサミン、D-グルコサミン、D-N-アセチル-グルコサミン(GlcNAc)、D-N-アセチル-ガラクトサミン(GalNAc)、D-フコースまたはD-アラビノースが含まれ得る。これらの糖は、例えば、1以上のO-硫酸、O-リン酸、O-アセチル、またはシアル酸のごとき酸性基ならびにこれらの組合せで、構造的に修飾されていてもよい。グリカンには、D-ペニシラミン2,5およびそのハロゲン化誘導体のごとき同様のポリヒドロキシ基またはポリプロピレングリコール誘導体も含まれ得る。また、グリコシド結合はベータであって1-4または1-3、好ましくは1-3である。グリカンとアミノ酸との間の結合はアルファまたはベータであってもよく、好ましくはアルファであって1-である。

【0016】

コアO-グリカンは、Van de Steenら(1998)(ここに出典明示して本明細書の一部とみなす)によって記載されている。ムチン型O-結合オリゴ糖はGalNAc残基によってSerまたはThr(または本ペプチドの他のヒドロキシル化残基)に結合している。単糖形成ブロックおよびこの第1のGalNAc残基に結合した結合は「コアグリカン」と定義され、そのうちの8が同定されている。各コアグリカンについてグリコシド結合の型(向きおよび結合性)は定義

される。適当なグリカンおよびグリカン・アナログは、1999年10月19日に出願された米国出願第09/420,797号および1999年10月19日に出願されたPCT出願番号PCT/US99/24380(各々、出典明示して本明細書の一部とみなす)にさらに記載されている。好ましいグリカンはGal(1-3)GalNAc(1)である。

【0017】

所望により、一般式Iのペプチドならびに前記した特定のペプチドにおいて、Cys残基の対はSer/(GluもしくはAsp)、Lys/(GluもしくはAsp)、Cys/(GluもしくはAsp)またはCys/Ala組合せのごとき、アイソテリック(isoteric)ラクタムまたはエステル-チオエーテル交換でペアで置きかえることができる。公知の方法(Barnayら、2000;Hrubyら、1994;Bitanら、1997)による順次カップリングは、ラクタム架橋での天然Cys架橋の置換を可能とする。チオエーテル・アナログは、RSP Amino Acid Analoguesから市販されているハロ-Ala残基を用いて容易に合成できる。

【0018】

また、本発明は、前記ペプチドの誘導体、およびアシル置換であるペプチド誘導体に指向され、ここに、非環式の置換体(permutant)は、天然毒素の天然架橋パターンを保持する。Craigら(2001)参照。

【0019】

第4の具体例において、本発明は、本明細書に記載されたコノトキシンペプチドの使用に指向される。本具体例の1つの態様において、本明細書に開示されたO-スーパーファミリー・コノトキシンまたはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物は、Na⁺チャネルを介するナトリウムイオン流を変調するのに用いられる。これらのコノペプチドを用いて治療できる障害には、多発性硬化症、(急性散在性脳脊髄炎、視神経脊髄炎、副腎脳白質萎縮症、急性横断性脊髄炎、進行性多病巣性白質脳症のごとき)他の脱髄疾病、亜急性硬化性全脳脊髄炎(SSPE)、異染性白質萎縮症、メルツバッシャー-ペリツェーウス病、脊髄損傷、ボツリヌス菌毒素中毒、ハンチントン舞蹈病、(手根管症候群、尺骨神経麻痺の

ごとき) 圧迫性およびエントラップの神経障害、(不整脈、鬱血心不全のごとき) 心血管障害、反応性神経膠症、高血糖、免疫抑制、コカイン中毒、癌、認識機能障害、(イートン・ランバート症候群のごとき) 神経伝達物質放出の欠損に起因する障害、ならびにクラレおよび神経筋遮断薬の作用の逆転が含まれる。

【0020】

本具体例の第2の態様には、対象における電位依存性イオンチャネル障害と関連付けられる障害を治療する方法が提供され、ここに、該方法は、本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシン、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上の有効量を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを特徴とする。かくして、これらのペプチドを用いて、抗痙攣性薬剤または神経保護剤のごとき、または発作を治療するためのごとき、心血管剤として、または痛みを管理するためのごとき神経障害を治療できる。これらのペプチドをさらに用いて、痙攣、脊髄損傷または上部運動ニューロン症候群を治療できる。

【0021】

本具体例の第3の態様において、対象による痛みの認知を低下/緩和/減少させる方法、または対象における鎮痛、特に、局所的鎮痛を誘導するための方法を提供し、ここに、該方法は、本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシン、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上有効量を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを特徴とする。

【0022】

本具体例の第4の態様において、対象におけるATP-感受性K⁺チャネルを活性化する(すなわち、開く)方法を提供し、ここに、該方法は、本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシン、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上有効量を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを特徴とする。

【0023】

本具体例の第5の態様において、対象におけるプロトン依存性イオンチャネルと関連する障害または疾患を治療する方法は、本明細書に記載されたO-スーパ

ーファミリー・コノトキシン、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上有効量を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを含むことを特徴とする。

【0024】

本発明のもう一つの具体例は、本発明の治療活性を模倣する化合物を同定する方法が含まれ、ここに、該方法は、(a)テスト化合物に対して生物学的アッセイを行って、治療上の活性を測定し；次いで、(b)該テスト化合物の生物学的アッセイから得られた結果を、該ペプチドの生物学的アッセイから得られた結果と比較する工程を含むことを特徴とする。該ペプチドは、いずれかの通常の標識、好ましくは、入手可能なTyrに対する放射性ヨウ素で標識される。かくして、本発明は、放射性ヨウ素化O-スーパーファミリー・コノトキシンにも指向される。

【0025】

好ましい具体例の詳細な記載

本発明は、(本明細書において、O-スーパーファミリー・コノトキシンと称する)約20~40残基長の比較的短いペプチドに関し、これはイモガイの毒液中に微量で天然に入手可能であり、または天然に入手可能なペプチドに類似し、これらは好ましくは3つのジスルフィド結合を含む。

【0026】

もう一つの態様において、本発明は、有効量のO-スーパーファミリー・コノトキシンペプチド、そのムテイン、そのアナログ、その活性断片または医薬上許容される塩を含む医薬組成物に関する。

【0027】

1つの具体例において、かかる医薬組成物は、ナトリウムチャンネルの不活性化を遅延させる能力を有する本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含む。ナトリウムチャンネルに対するO-スーパーファミリーのメンバーの -コノトキシンペプチドの活性は、米国特許第5,739,276号に記載され、それをここに出典明示して本明細書の一部とみなす。本具体例による障害の治療は、それを必要とするヒトを含めたかかる生きている動物身体

に有効量の本発明の医薬組成物を投与する工程を含む。

【0028】

ナトリウムチャンネルは、細胞膜電位の維持を介して、正常な生物学的機能において重要である大きくかつ種々の群の蛋白質を含む。Na⁺チャンネルを介するナトリウムイオン流を変調する化合物についての治療上の適用は広範囲であり、非常に広範囲の疾患および損傷状態の治療を含む。これらのコノペプチドを用いて治療できる障害には、多発性硬化症、(急性散在性脳脊髄炎、視神経脊髄炎、副腎脳白質萎縮症、急性横断性脊髄炎、進行性多病巣性白質脳症のごとき)他の脱髄疾病、亜急性硬化性全脳脊髄炎(SSPE)、異染性白質萎縮症、メルツバッチャー-ペリツェーウス病、脊髄損傷、ボツリヌス菌毒素中毒、ハンチントン舞蹈病、(手根管症候群、尺骨神経麻痺のごとき)圧迫性およびエントラップの神経障害、(不整脈、鬱血心不全のごとき)心血管障害、反応性神経膠症、高血糖、免疫抑制、コカイン中毒、癌、認識機能障害、(イートン・ランバート症候群のごとき)神経伝達物質放出の欠損に起因する障害、ならびにクラレおよび神経筋遮断薬の作用の逆転が含まれる。

【0029】

第2の具体例において、かかる医薬組成物は、電位依存性イオンチャンネル、特に、カルシウムチャンネルにて作用する能力を有する本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含み、かくして、障害または疾患が、中枢神経系の電位依存性イオンチャンネルの部分的または完全な遮断に応答性であるヒトを含めた生きている動物身体の障害または疾患を治療するのに有用である。カルシウムチャンネルに対するO-スーパーファミリーのメンバーの - コノトキシンペプチドの活性は、米国特許第5,587,454号;第5,559,095号および第5,824,645号に記載され、それらをここに出典明示して本明細書の一部とみなす。本具体例による治療は、治療上有効量の本発明の医薬組成物を、それを必要とするヒトを含めたかかる生きている動物身体に投与する工程を含む。

【0030】

電位依存性カルシウムチャンネルは、ニューロン中、および心筋、平滑筋および

骨格筋および他の興奮性細胞中に存在し、シナプス伝達におけるごとき、膜興奮性、筋収縮および細胞分泌における様々な役割を演じることが知られている (McCleskey)。ニューロン細胞において、電位依存性カルシウムチャネルは、それらの電気生理学的ならびにそれらの生化学的 (結合) 特性によって分類されている。6つのクラスの生理学的に区別されるカルシウムチャネル、すなわち、T、L、N、P、QおよびR - タイプのチャネルが現在まで同定されている。

【0031】

脳内カルシウムの蓄積 (カルシウム過負荷) は、酸素欠乏症、虚血、片頭痛、および癲癇痙攣の後のごとき、脳の活動亢進期間後に見られることはよく知られている。中枢神経系 (CNS) の細胞におけるカルシウムが制御されていない高濃度は、前記疾病と関連する大部分の変性変化を引き起こすことが知られている。脳細胞のカルシウムチャネルをブロックできる化合物は、従って、発作、酸素欠乏症、虚血、片頭痛、精神病または癲癇、いずれの他の痙攣性の障害の治療において有用であり、それらの同一物と関連する変性変化の予防において有用である。

【0032】

CNSにおけるいわゆるL - 型カルシウムチャネルをブロックする化合物は、CNSにおけるカルシウムの取込みを直接的にブロックすることによって前記障害の治療に有用である。さらに、いわゆるN - およびP - 型のカルシウムチャネル、ならびに可能な他の型のカルシウムチャネルは、神経伝達物質の放出の変調に関連付けられる。N - および/またはP - 型のカルシウムチャネルをブロックする化合物は、CNSのかかる活動亢進期間後に見られる神経伝達物質放出の増強、特に、CNSのかかる活動亢進期間後のグルタミン酸放出の増強を阻害することによって、前記の脳の活動亢進期間後のCNSにおけるカルシウムの過負荷を間接的かつ非常に強力に防止する。さらに、N - および/またはP - 型のカルシウムチャネルのブロkkerは、問題の該化合物の選択性に依存して、アスパラギン酸、GABA、グリシン、ドーパミン、セロトニンおよびノルアドレナリンのごとき様々な他の神経伝達物質の放出を阻害する。

【0033】

かくして、本発明のO - スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含む医薬組成物は、神経保護剤、心血管薬剤、抗痙攣薬、鎮痛剤または全身麻酔薬への補助薬として有用である。「神経学上の障害または疾病」は、限定されるものではないが、総体および限局性の虚血性および出血性の発作、頭外傷、脊髄損傷、心停止または新生児仮死における低酸素症誘導の神経細胞損傷、あるいは癲癇を含めた神経系の障害または疾患である。加えて、「神経学上の障害または疾病」は、神経保護剤 (neuroprotectant)、抗痙攣薬、鎮痛剤、および/または全身麻酔における補助物として示され、有用であり、推奨または処方できる疾患状態および疾患である。

【0034】

より詳細には、本発明は、癲癇の治療および緩和のための、および一般的な抗痙攣剤として、O - スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーの使用に指向される。また、本発明は、典型的には、発作に続く低酸素症、酸素欠乏症または虚血性疾患、脳血管事故、脳または脊髄外傷、心筋梗塞、身体的外傷、溺死、窒息、分娩仮死または低血糖事象に関連した神経毒性損傷を低下させるためのこれらの化合物の使用に指向される。さらに、本発明は、急性および慢性の痛み、かかる片頭痛、侵害受容性および神経障害性の痛みを含めた痛みを治療するためのO - スーパーファミリー・コノトキシンの使用に指向される。これらのペプチドをさらに用いて、痙攣、脊髄損傷または上部運動ニューロン症候群を治療できる。これらの化合物の他の使用は、米国特許第5,859,186号に記載され、それをここに出典明示して本明細書の一部とみなす。

【0035】

「神経保護剤」は、神経の障害または疾患と関連するニューロン死を予防できる化合物である。「抗痙攣薬」は、単純部分発作、複合部分発作、痙攣重積状態、および頭部手術を含めた続いての頭部外傷を引き起こすとき外傷誘導発作によって生成した痙攣を減少できる化合物である。「鎮痛剤」は、麻酔または意識喪失を生じない侵害受容性刺激に対する認知を変更することによって痛みを緩和できる化合物である。「筋弛緩剤」は、筋肉緊張を低下させる化合物である。「全身麻酔における補助物 (adjunct)」は、意識喪失に関連した痛みを知覚する

能力の喪失を生じる麻酔剤と組み合わせて有用な化合物である。

【0036】

本発明は、限定されるものではないが、総体および限局性の虚血性および出血性の発作、頭外傷、脊髄損傷、心停止または新生児仮死における低酸素症誘導の神経細胞損傷、癲癇、または望ましくない副作用のない他の痙攣性障害を含めた神経系の障害および疾患の治療に有用な方法にさらに関連する。

【0037】

かくして、1の態様において、本発明は、対象による痛みの認知を低下/緩和/減少させる方法、または対象における鎮痛を誘導するための方法を提供し、ここに、該方法は、本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシンの、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上有効量を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを含む。その痛みは、急性、持続性、炎症性または神経障害性の痛みであり得る。

【0038】

第2の態様において、本発明は、発作、頭または脊髄の外傷または損傷、酸素欠乏症、低酸素症誘導の神経細胞損傷、虚血、片頭痛、精神病、不安、精神分裂病、炎症、運動障害、癲癇、いずれかの他の痙攣性障害を治療する方法、または対象における同一物と関連した変性変化の予防における方法を提供し、ここに、該方法は、治療上有効量の本発明のO-スーパーファミリー・コノトキシンの、またはその医薬上許容される塩またはその溶媒化合物のメンバーを含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを含む。

【0039】

第3の具体例において、かかる医薬組成物は、痛みを治療するための局所麻酔剤として有用である本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含む。これらのコノペプチドは、長時間作用型の麻酔活性を有し、特に、手術後の痛みのために急性に、または重篤な慢性の痛みの状態もしくは上皮組織における痛みの治療のために髄腔内ポンプを介してのいずれかで投与された脊髄麻酔に有用である。ナトリウムチャンネルに対するO-スーパーファミリーのメンバーの μ O-コノトキシンペプチドの活性は、2000年6月9日出

願された米国特許出願09/590,386（国際出願番号PCT/US00/15779）に記載され、それをここに出典明示して本明細書の一部とみなす。本具体例による治療は、治療上有効量の本発明の医薬組成物を、それを必要とするヒトを含めたかかる生きている動物身体に投与する工程を含む。

【0040】

より詳細には、1つの態様において、痛みは、外科的または医学的手法から由来し、本明細書に記載されるO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーは、中枢神経系（CNS）、例えば、脊髄麻酔のための脊椎に投与される。第2の態様において、痛みは、例えば、形成外科、口内靡爛、火傷、咽喉痛、生殖器病変、上部または下部胃腸の気管支鏡法または内視鏡検査、挿管、皮膚擦傷または化学的皮膚剥離の結果としての上皮組織の損傷または喪失と関連する上皮組織領域に存在し、本明細書に記載されるO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを投与して、関連する痛みを緩和する。

【0041】

第4の態様において、かかる医薬組成物は、ATP感受性K⁺チャンネルを活性化（すなわち、開く）能力を有するO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含み、かくして、それは、ヒトを含めた生きている動物身体の障害または疾患を治療するのに有用であり、障害または疾患は、ATP感受性K⁺チャンネルの活性化に敏感である。ナトリウムチャンネルに対するO-スーパーファミリーのメンバーの - コノトキシンの活性は、2000年9月21日に出願された米国特許出願第_____（国際出願番号PCT/US00/25827）に記載され、それらをここに出典明示して本明細書の一部とみなす。本具体例による治療は、治療上有効量の本発明の医薬組成物を、それを必要とするヒトを含めた、かかる生きている動物身体に投与する工程を含む。かくして、本発明は、対象における心虚血、ニューロン虚血、視覚虚血または喘息を治療する方法を提供し、ここに、該方法は、本明細書に記載されたO-スーパーファミリー・コノトキシンの、またはその医薬上許容される塩もしくは溶媒化合物のメンバーの治療上有効量を含む治療上有効量の医薬組成物を含む有効量の医薬組成物を対象に投与することを特徴とする。

【0042】

第5の具体例において、かかる医薬組成物は、プロトン依存性イオンチャネルに対して作用する能力を有するO-スーパーファミリー・コノトキシンのメンバーを含み、かくして、ヒトを含めた生きている動物身体の障害、疾患または状態を治療するのに有用であり、障害、疾患または状態は、プロトン依存性 (proton-gated) イオンチャネルの部分的および完全な遮断に応答性である。O-スーパーファミリーのこれらのメンバーは、プロトン依存性イオンチャネルに拮抗するので、それらは、鎮痛剤として、特に、炎症、血腫、心臓もしくは筋肉の虚血または癌と関連する痛みにも有用である。かくして、本発明の1つの態様として、本明細書に開示されたペプチドおよび誘導体は、鎮痛剤、すなわち、痛みの認知における低下または鎮痛の導入に有用である。本具体例による治療は、治療上有効量の本発明の医薬組成物を、それを必要とするヒトを含めたかかる生きている動物身体に投与する工程を含む。

【0043】

本発明のコノトキシンのペプチドは、コーヌス毒液からの単離によって同定される。あるいは、本発明のコノトキシンのペプチドは、逆転写-ポリメラーゼ鎖反応 (RT-PCR) の使用または縮退プローブの使用のごとき通常の技術を用いて、種々のコーヌス種のcDNAライブラリーをスクリーニングすることによる組換えDNA技術を用いて同定される。RT-PCR用のプライマーは、縮退プローブを用いて単離されたコノトキシンのペプチド遺伝子のシグナル配列および3'非翻訳領域における保存配列に基づいている。縮退プローブにハイブリダイズするクローンを分析して、評価されるべき特定のcDNAライブラリーにつきcDNAクローニング部位の間に挟まれるPCRプライマーを用いて測定されるごとく、最小サイズの必要性、すなわち、約300個のヌクレオチドを有するクローンに合うものを同定する。次いで、これらの最小サイズのクローンおよびRT-PCRによって生成したクローンを配列決定する。次いで、該配列をO-スーパーファミリー・コノトキシンのペプチドについて前記された特徴を有するペプチドの存在につき調べた。

【0044】

本明細書に記載されたコノトキシンペプチドは、化学的に合成するのに十分に小さい。前記のコノトキシンペプチドを調製するための一般的な化学合成は、後記されている。また、コノトキシンペプチドの種々のものが、米国特許第4,447,356号(Oliveraら、1984)；第5,514,774号；第5,719,264号；および第5,591,821号、ならびにPCT公開出願WO 98/03189(これらをここに出典明示して本明細書の一部とみなす)に記載された技術を用いて、特定のコーヌス種からの単離および精製によって得ることができる。

【0045】

本発明のコノトキシンペプチドはイモガイからの精製によって得ることができるが、個々の巻貝から得ることができるコノトキシンペプチドの量は非常に少量であるため、所望の実質的に純粋なコノトキシンペプチドは、固相戦略を用いる化学合成によって商業的に価値ある量にて現実には最良に得る。例えば、単一のイモガイからの収量は約10マイクログラム以下のコノトキシンペプチドであり得る。「実質的に純粋」とは、該ペプチドが同一タイプの他の生物学的分子の実質的な不存在下にて存在することを意味し；それは好ましくは少なくとも約85%純度、好ましくは少なくとも約95%純度の量で存在する。生物学的に活性なコノトキシンペプチドの化学合成は、もちろんアミノ酸配列の正確な決定の過程に依存する。

【0046】

また、コノトキシンペプチドは、当該技術分野でよく知られている組換えDNA技術によっても産生できる。かかる技術はSambrookら(1989)によって記載されている。注目する遺伝子(すなわち、適当なコノトキシンペプチドをコードする遺伝子)は、標準的手法を用いることによって適当な発現ベクターのクローニング部位に挿入できる。これらの手法は、当業者によく知られている。次いで、注目する遺伝子を含有する発現ベクターを用いて、所望の細胞系をトランスフェクトできる。カルシウム共沈殿、DEAE-デキストラントランスフェクションまたはエレクトロポレーションのごとき標準的トランスフェクション手法を利用できる。非常に広範囲の宿主/発現ベクターの組合せを用いて、注目するコ

ノトキシペプチドをコードする遺伝子を発現できる。かかる組合せは当業者によく知られている。このようにして産生したペプチドを単離し、要すれば還元し、酸化して、正確なジスルフィド結合を形成させる。

【0047】

本発明のペプチド中にジスルフィド結合を形成させる1つの方法は、冷室温または室温にて長時間の線状ペプチドの空気酸化である。この手法の結果、実質量の生物活性のジスルフィド結合ペプチドが創製する。酸化されたペプチドは逆相高速液体クロマトグラフィー（HPLC）等を用いて分画して、異なる結合立体配置を有するペプチドを分離する。その後、これらの画分を天然物質の溶出と比較するか、または単純なアッセイ方法を用いることによって、最大の生物学的効力の正確な結合を有する特定の画分を容易に決定する。しかしながら、より低い生物効力の他の画分の存在から生じる希釈のため、幾分より高い投与量が必要となり得る。

【0048】

該ペプチドは、絶対固相技術、部分固相技術、フラグメント縮合または古典的な溶液カップリングによるごとき、適当な方法によって合成される。

【0049】

通常の液相ペプチド合成においては、ペプチド鎖は、構成アミノ酸を所望の順序で伸長するペプチド鎖に付加する一連のカップリング反応によって調製できる。種々のカップリング試薬、例えば、ジシクロヘキシルカルボジイミドまたはジイソプロピルカルボニルジイミダゾール、種々の活性エステル、例えば、N-ヒドロキシフタルイミドまたはN-ヒドロキシ-スクシンイミドのエステル、ならびに種々の切断試薬を用いて溶液中で反応を行う、続いて中間体を単離および精製することはよく知られている古典的なペプチド法である。古典的な溶液合成は、論文「Methoden der Organischen Chemie (Houben - Weyl) : Synthese von Peptiden」(1974)に詳記されている。絶対的固相合成の技術は、テキストブック、「Solid Phase Peptide Synthesis」(StewartおよびYoung, 1969)に記載されており、米国特許第4,105,603号(Valer、1978)の開示によって例示されている。合成のフラグメント縮合法は米国特許第3,9

72,859号(1976)に例示されている。他の利用可能な合成は、米国特許第3,842,067号(1974)および第3,862,925号(1975)によって例示されている。 - カルボキシグルタミン酸残基を含有するペプチドの合成は、Rivierら(1987)、Nishiuchiら(1993)およびZhouら(1996)によって例示されている。

【0050】

かかる化学合成に共通しているのは、当該基が最終的に除去されるまで、その部位で化学反応が起こるのを妨ぐであろう適当な保護基で種々のアミノ酸部位の不安定な側鎖基を保護することである。また、通常共通しているのは、その原子団がカルボキシル基において反応し、続いて - アミノ保護基を選択的に除去してその位置で続く反応が起こることを許容する間に、アミノ酸または断片上の - アミノ基を保護することである。したがって、かかる合成における工程として、不安定側鎖を有する残基の種々のものに結合した適当な側鎖保護基を有するペプチド鎖中に所望の順序で位置する各アミノ酸残基を含む中間体化合物を生成することが共通している。

【0051】

側鎖アミノ保護基の選択に関する限り、一般的に、合成中 - アミノ基の脱保護の間には除去されないものが選択される。しかしながら、いくらかのアミノ酸、例えばHisについては、保護は一般的には必要でない。ペプチド合成に用いられるべき特定の側鎖保護基の選択においては、以下の一般規則に従う：(a) 保護基は好ましくはカップリング条件下にてその保護特性を保持し、かつ、分裂しないこと、(b) 保護基は合成の各工程にて - アミノ保護基を除去するために選択した反応条件下で安定でなければならないこと、ならびに、(c) 側鎖保護基は、ペプチド鎖を望ましくないように変化させない反応条件下にて、所望のアミノ酸配列を含む合成の完了の際に、除去可能でなければならないこと。

【0052】

組換えDNA技術を用いてこれらのペプチドの多くまたは全てでさえ調製することが可能である。しかしながら、ペプチドをそのように調製しない場合には、当該技術分野で知られている他の等価な化学合成も先に述べたごとく用い得るが

、それを好ましくはメリフィールド固相合成を用いて調製する。固相合成は、保護 - アミノ酸を適当な樹脂にカップリングさせることによって、ペプチドのC - 末端から開始される。かかる出発物質は、 - アミノ - 保護アミノ酸を、エステル結合によりクロロメチル化樹脂もしくはヒドロキシメチル樹脂に結合させることによって、あるいは、アミド結合によってベンズヒドリルアミン (B H A) 樹脂またはパラメチルベンズヒドリルアミン (M B H A) 樹脂に結合させることによって調製できる。ヒドロキシメチル樹脂の調製は、Bodanskyら (1 9 6 6) によって記載されている。クロロメチル化樹脂はBio Rad Laboratories社 (Richmond, CA) およびLab. Systems, Inc.社から市販されている。かかる樹脂の調製は、StewartおよびYoung (1 9 6 9) によって記載されている。B H A およびM B H A 樹脂支持体は市販されており、合成すべき所望のポリペプチドがC - 末端に非置換アミドを有する場合に一般的に用いられる。したがって、式 - O - C H₂ - 樹脂支持体、 - N H B H A 樹脂支持体または - N H - M B H A 樹脂支持体を有するものごとく、固体樹脂支持体は当該技術分野で知られているいずれのものであってもよい。未置換アミドが望まれる場合、切断がアミドを直接的に与えるためにB H A またはM B H A 樹脂の使用が好ましい。N - メチルアミドが望まれる場合、それはN - メチルB H A 樹脂から生成することができる。他の置換されたアミドが所望ならば、米国特許第4,569,967号の教示 (Kornreichら、1986) を用いることができ、あるいは、遊離酸以外のなお他の基がC - 末端に望まれる場合、Houben - Weylテキスト (1 9 7 4) に記載された古典的方法を用いてペプチドを合成するのが好ましいであろう。

【 0 0 5 3 】

B o c またはF m o c によって、および側鎖保護基によって保護されたC - 末端アミノ酸は、適当には、C - 末端に遊離酸を有するペプチドを合成すべき場合、まず、攪拌しつつ約60℃にて24時間、DMF中のKFを用い、K.Horikiら (1 9 7 8) に記載された手法に従って、クロロメチル化樹脂にカップリングさせることができる。B O C - 保護アミノ酸を樹脂支持体にカップリングさせた後に、塩化メチレン中のトリフルオロ酢酸 (T F A) またはT F A 単独を用いることによって、 - アミノ保護基を除去する。脱保護は約0℃と室温との間の温度

で行う。ジオキサン中のHClのごとき他の標準的な切断試薬および特異的 - アミノ保護基の除去のための条件は、SchroderおよびLubke (1965) に記載されているごとく使用できる。

【0054】

- アミノ保護基の除去後、残りの - アミノ - および側鎖 - 保護アミノ酸を所望の順序でステップ - ワイズでカップリングさせて本明細書に前記に定義した中間体化合物を得るか、あるいは別法として、合成中に各アミノ酸に別々に付加し、そのうちの幾つかは固相反応器に添加する前に互いにカップリングさせ得る。適当なカップリング試薬の選択は当業者の範囲内にある。カップリング試薬として特に適当なのは、N,N' - ジシクロヘキシルカルボジイミド (Hobt またはHoAt の存在下でのDCC、DIC、HBTU、HATU、TBTU) である。

【0055】

ペプチドの固相合成に用いる活性化試薬は、ペプチドの技術分野でよく知られている。適当な活性化試薬の例は、N,N' - ジイソプロピルカルボジイミドおよびN - エチル - N' - (3 - ジメチルアミノプロピル) カルボジイミドのごときカルボジイミドである。他の活性化試薬およびペプチド・カップリングにおけるそれらの使用は、SchroderおよびLubke (1965) ならびにKapoor (1970) によって記載されている。

【0056】

各保護アミノ酸またはアミノ酸配列を約2倍以上の過剰量で固相反応器に導入し、ジメチルホルムアミド (DMF) : CH₂Cl₂ (1 : 1) の媒体中またはDMFもしくはCH₂Cl₂ 単独中でカップリングを行い得る。中間体カップリングが起こる場合、次のアミノ酸のカップリングより前の - アミノ保護基の除去前にカップリング手法を繰り返す。手動で行う場合、合成の各段階でのカップリング反応の成功は、好ましくは、Kaiserら (1970) によって記載されているごとく、ニンヒドリン反応によってモニターする。カップリング反応は、Beckman 990 自動合成器におけるように、Rivierら (1978) において報告されているごとくプログラムを用いて自動的に実行可能である。

【0057】

所望のアミノ酸配列が完成した後に、液体フッ化水素またはTFA (Fmoc化学を用いる場合)のごとき試薬を用いる処理によって、中間体ペプチドを樹脂支持体から取り外すことができ、それは、樹脂からペプチドを切断するだけでなく、全ての残存する側鎖保護基および以前に除去されていない場合には、N末端の - アミノ保護基をも切断して、ペプチドを遊離酸の形態で得ることができる。配列中にMetが存在する場合、好ましくは、HFを用いて樹脂からペプチドを切断する前にトリフルオロ酢酸(TFA)/エタンジチオールを用いて最初にBoc保護基を除去して、潜在的なS-アルキル化を排除する。フッ化水素またはTFAを切断に用いる場合には、アニソール、クレゾール、ジメチルスルフィドおよびメチルエチルスルフィドのごとき1以上のスカベンジャーを反応容器に含ませる。

【0058】

ペプチド-樹脂の一部である場合のペプチドの環化とは対照的に、好ましくは、線状ペプチドの環化に影響してCys残基間の結合を創製する。かかるジスルフィド環化結合をもたらすために、当該技術分野でよく知られているごとく、アンモノリシスによって、完全に保護されたペプチドをヒドロキシメチル化樹脂またはクロロメチル化樹脂支持体から切断して、完全に保護されたアミド中間体を得ることができ、その後、それを適当に環化および脱保護することができる。別法として、脱保護ならびに上記の樹脂またはベンズヒドリルアミン(BHA)樹脂もしくはメチルベンズヒドリルアミン(MBHA)からのペプチドの切断は、フッ化水素酸(HF)またはTFAを用いて0で行うことができ、その後、上記のように酸化できる。

【0059】

また、自動合成器を用いてもペプチドが合成される。Advanced Chemtech 357自動ペプチド合成器を用いて、C末端にて開始してMBHA Rink樹脂(典型的には100mgの樹脂)にアミノ酸を順次カップリングさせる。カップリングは、N-メチルピロリジノン(NMP)中の1,3-ジイソプロピルカルボジイミドを用いるか、または2-(1H-ベンゾトリアゾール-1-イル)-1

, 1, 3, 3 - テトラメチルウロニウム ヘキサフルオロホスフェート (HBTU) およびジエチルイソプロピルエチルアミン (DIEA) によって行う。FMO C 保護基は、ジメチルホルムアミド (DMF) 中のピペリジンの 20% 溶液での処理によって除去する。その後、樹脂を DMF (2 回)、続いてメタノールおよび NMP で洗浄する。

【0060】

また、前記のコノトキシンペプチドのアナログまたは活性断片のムテインは本明細書に含まれる。Hammerlandら, Eur. J. Pharmacol., 226, pp239 - 244 (1992) 参照。前記のコノトキシンペプチドのアナログまたは活性断片の、誘導體ムテインは、米国特許第5,545,723号(特に、第2欄、第50行~第3欄、第8行);第5,534,615号(特に、第19欄、第45行~第22欄、第33行);および第5,364,769号(特に、第4欄、第55行~第7欄、第26行)(各々をここに出典明示して本明細書の一部とみなす)に概説されたごとき保存的アミノ酸置換を含めた公知の手法により合成できる。

【0061】

有効成分として本発明の化合物またはその医薬上許容される塩または溶媒化合物を含有する医薬組成物は、慣用的な医薬調剤技術に従って調製できる。例えば、Remington's Pharmaceutical Sciences、第18版(1990, Mack Publishing Co.社, Easton, PA)を参照されたし。典型的には、治療上有効量の有効成分は医薬上許容される担体と混合されるであろう。担体は、投与、例えば静脈内、経口または非経口、に望ましい製剤の形態に依存して非常に様々な形態を取ることができる。該組成物は、さらに、抗酸化剤、安定化剤、保存料等を含有できる。送達方法については、米国特許第5,844,077号(ここに出典明示して本明細書の一部とみなす)を参照されたし。

【0062】

「医薬組成物」とは、医薬投与につき適当な物理的に区別される統一性のある部分を意味する。「投与単位形態における医薬組成物」とは、医薬投与につき適当な物理的に区別される統一性のある単位を意味し、各々は、担体と組み合わせたおよび/または包被内に入れられた活性化合物の毎日用量、複数(4回まで)

またはサブマルチプル(40回より下)の毎日用量を含有する。該組成物が毎日用量、または毎日用量の半分または1/3または1/4を含むかは、該医薬組成物が、1日当り1回または例えば、2、3または4回投与されるべきかに依存するであろう。

【0063】

本明細書に用いられる「塩」とは、無機または有機の酸および/または塩基、好ましくは塩基塩で形成された酸性および/または塩基性塩を示す。特に、本発明の化合物を医薬として使用する場合、医薬上許容される塩が好ましいが、他の塩は、例えば、これらの化合物を処理するのに、または医薬タイプでない使用を意図する場合に有用性を見出せる。これらの化合物の塩は、技術が認識されている手法によって調製できる。

【0064】

かかる医薬上許容される塩の例には、限定されるものではないが、各々、塩酸塩、硫酸塩、硝酸塩またはリン酸塩および酢酸塩、トリフルオロ酢酸塩、プロピオン酸塩、コハク酸塩、安息香酸塩、クエン酸塩、酒石酸塩、フマル酸塩、マレイン酸塩、メタンスルホン酸塩、イソチオン酸塩、酢酸テオフィリン、サリチル酸塩等のごとき無機および有機の付加塩が含まれる。低級アルキル四級アンモニウム塩等も適当である。

【0065】

本明細書に用いる「医薬上許容される」担体なる用語は、非毒性の、不活性固体の、半固形液体の充填剤、希釈剤、カプセル化物質、いずれかのタイプの処方補助剤、または単に、セーラインのごとき無菌水性媒体を意味する。医薬上許容される担体として機能できる物質のいつらかの例は、ラクトース、グルコースおよびスクロースのごとき糖、コーンスターチおよび馬鈴薯デンプンのごときデンプン、セルロースおよびカルボキシメチルセルロースナトリウム、エチルセルロースおよび酢酸セルロースのごときその誘導体；粉末トラガカントゴム；メルト、ゼラチン、タルク；カカオ脂および坐薬ワックスのごとき賦形剤；落花生油、べにばな油、ゴマ油、オリーブ油、トウモロコシ油および大豆油のごとき油；プロピレングリコールのごときグリコール、グリセリン、ソルビトール、マンニト

ールおよびポリエチレングリコールのごときポリオール；オレイン酸エチルおよびラウリン酸エチルのごときエステル、寒天；水酸化マグネシウムおよび水酸化アルミニウムのごとき緩衝剤；アルギン酸；パイロジェンフリー水；等張性セーライン、リンゲル液；エチルアルコールおよびリン酸緩衝液、ならびに医薬処方において用いられる他の非毒性の適合性物質である。

【0066】

また、ラウリル硫酸ナトリウムおよびステアリン酸マグネシウムのごとき湿潤剤、乳化剤および滑沢剤、ならびに着色剤、放出剤、コーティング剤、甘味剤、矯味剤および芳香剤、保存剤および抗酸化剤は、処方者の判断により該組成物中に存在できる。医薬上許容される抗酸化剤の例には、限定されるものではないが、アスコルビン酸、システイン塩酸塩、亜硫酸水素ナトリウム、メタ重亜硫酸水素ナトリウム、硫酸ナトリウム等のごとき水溶性抗酸化剤；アスコルビルパルチメート、ブチルヒドロキシアニソール（BHA）またはブチルヒドロキシトルエン（BHT）、レクチン、没食子酸プロピル、アルファ-トコフェロール等のごとき油可溶性抗酸化剤；およびクエン酸、エチレンジアミン四酢酸（EDTA）、ソルビトール、酒石酸、リン酸等のごとき金属キレート化剤が含まれる。

【0067】

経口投与に関しては、化合物をカプセル剤、丸剤、錠剤、トローチ剤、メルト剤、散剤、懸濁剤または乳剤のごとき固体または液体の製剤に処方化できる。経口投与形態での組成物の調製においては、いずれかの通常の医薬媒体を用いることができ、これは例えば、（例えば、懸濁剤、エリキシル剤および液剤のごとき）経口液体製剤の場合においては、水、グリコール、油剤、アルコール、矯味剤、保存料、着色剤、懸濁化剤等；あるいは（例えば、散剤、カプセル剤および錠剤のごとき）経口固体製剤の場合においては、デンプン、糖、希釈剤、顆粒化剤、滑沢剤、結合剤、崩壊剤等のごとき担体である。投与におけるそれらの簡便性のために、錠剤およびカプセル剤は最も有利な投与単位形態を表し、その場合、固体医薬担体を明らかに用いる。所望ならば、錠剤は標準的な技術によって糖衣または腸溶衣をかけ得る。活性薬剤をカプセル化して、それが血液脳関門を通過することを許容すると同時に胃腸管を安定に通過させ得る。例えば、WO96/

11698を参照されたし。

【0068】

非経口投与に関しては、化合物を医薬担体に溶解して、液剤または懸濁剤として投与できる。安定な担体の例示は水、生理食塩水、デキストロース溶液、フラクトース溶液、エタノール、または動物、植物もしくは合成起源の油剤である。また、担体は、他の成分、例えば、保存剤、懸濁化剤、可溶化剤、緩衝剤等も含むこともできる。また、化合物を髄腔内投与する場合、それらを脳脊髄液に溶解できる。

【0069】

様々な投与経路が利用可能である。選択された特定の様式は、選択された特定の薬物、治療されるべき疾患状態の重篤度および治療上の効力のために必要とされる用量にももちろん依存するであろう。本発明の方法は、一般的に言えば、医学的に許容できるいずれの様式の投与を用いても実施でき、臨床的に許容できない副作用を生じることなく、活性化合物の有効レベルを生じるいずれの様式も意味する。かかる投与様式には、経口、直腸、舌下、局所、鼻、経皮または非経口の経路が含まれる。「非経口」なる用語は、皮下、静脈内、硬膜外、灌注、筋肉内、放出ポンプまたは注入が含まれる。

【0070】

例えば、本発明による活性薬剤の投与は、いずれの適当な送達手段を用いても達成でき、

- (a) ポンプ (例えば、LauerおよびHatton (1993)、Zimmら (1984) ならびにEttingerら (1978) 参照) ;
- (b) マイクロカプセル化 (例えば、米国特許第4,352,883号; 第4,353,888号および第5,084,350号参照) ;
- (c) 持続性放出ポリマー埋込み剤 (例えば、米国特許第4,883,666号参照) ;
- (d) マイクロカプセル化 (例えば、米国特許第5,284,761号、第5,158,881号、第4,976,859号および第4,968,733号ならびに公開されたPCT特許出願WO92/19195、WO95/05452参照) ;

(e) CNSに対する裸のまたは非カプセル化の細胞移植(例えば、米国特許第5,082,670号および第5,618,531号参照);

(f) 皮下、静脈内、動脈内、筋肉内もしくは他の適当な部位への注射;または

(g) カプセル剤、液剤、錠剤、丸剤または持続性放出製剤における経口投与が含まれる。

【0071】

本発明の1つの具体例において、活性薬剤は、CNS、好ましくは、脳室、脳実質、髄腔または他の適当なCNS位置、最も好ましくは髄腔内に直接的に送達される。本投与は、好ましくはポンプによる。

【0072】

あるいは、ターゲティング治療を用いて、抗体または細胞特異的リガンドのごときターゲティング・システムの使用によって、さらにとりわけ、ある種のタイプの細胞に活性薬剤を送達できる。ターゲティングは、種々の理由、例えば、薬剤が許容できない毒性があるならば、余りにも高用量を必要とするならば、または標的細胞に入ることができないならば望ましい。

【0073】

また、ペプチドである活性薬剤は、活性薬剤をコードするDNA配列を患者の体内、特に脊髄領域に移植するために設計された細胞に導入する細胞ベースの送達システムにて投与できる。適当な送達システムは、米国特許第5,550,050号およびPCT出願公開番号WO92/19195、WO94/25503、WO95/01203、WO95/05452、WO96/02286、WO96/02646、WO96/40871、WO96/40959およびWO97/12635に記載されている。適当なDNA配列は、開示された配列および公知の遺伝暗号に基づいて、各活性薬剤について合成により調製できる。

【0074】

活性薬剤は、好ましくは、治療上有効量にて投与される。活性化合物の「治療上有効量」または単に「有効量」とは、いずれの医学的治療にも適用できる適当な利益/リスク比にて、痛みを緩和するか、または鎮痛を導入するのに十分な量を意味する。投与される実際の量、ならびに投与の速度および時間経過は、治療

すべき症状の性質および程度に依存するであろう。治療の処方箋、例えば、投与量、時期等に関する決定は、一般医師または専門医の責任の範囲内にあり、典型的には治療すべき障害、個々の患者の症状、送達部位、投与方法、および実践者に知られている他の因子を考慮する。技術およびプロトコールの例は、Remington's Pharmaceutical Sciencesに見出すことができる。

【0075】

用量は、局所的または全身的に薬物レベルを達成するように適当に調製できる。典型的には、本発明の活性薬剤は、活性薬剤の約0.001 mg/kgないし約250 mg/kg、好ましくは、約0.01 mg/kgないし約100 mg/kg、最も好ましくは、約0.05 mg/kgないし約75 mg/kgの用量範囲にてそれらの効果を示す。適当な用量は、1日当り複数のサブ用量にて投与できる。典型的には、用量またはサブ用量は、単位投与形態当り約0.1 mgないし約500 mgの活性薬剤を含有できる。より好ましい用量は、単位投与形態当り約0.5 mgないし約100 mgの活性薬剤を含有するであろう。用量は、一般的には、低レベルにて開始され、所望の効果が達成されるまで増加させる。対象における応答がかかる用量にて十分である事象において、より高用量（異なるより局所化された送達経路による有効なより高用量）さえ、患者耐容性が許される範囲まで使用できる。例えば、24時間にわたる連続投与または1日当りの複数用量は、化合物の適当な全身レベルを達成すると考えられる。

【0076】

痛みの治療では、投与経路がCNSに直接的であるならば、考えられる用量は、1日当り約1 ngないし約100 mg、好ましくは1日当り約100 ngないし約10 mg、より好ましくは1日当り約1 μgないし約100 μgである。末梢的に投与されるならば、考えられる用量は、いくらか高く、1日当り約100 ngないし約1000 mg、好ましくは1日当り約10 μgないし約100 mg、より好ましくは1日当り約100 μgないし約10 mgである。コノペプチドが連続注入によって（例えば、ポンプ送達、生分解性ポリマー送達または細胞ベースの送達により）送達されるならば、低用量がボラス送達についてよりも考えられる。

【0077】

有利には、該組成物は、投与単位として処方され、各単位は、活性薬剤の固定用量を供給するために適合される。錠剤、被覆錠、カプセル剤、アンプル剤および坐剤は、本発明による投与形態の例である。

【0078】

活性薬剤は、すなわち、適当な有効用量が、単一または複数の単位用量にて用いられた投与形態と一致するであろうように、有効量を構成することを必要とするにすぎない。正確な個々の用量、ならびに毎日用量は、使用ヒトまたは動物につき医師または獣医の指示の下、標準的医学原理により決定される。

【0079】

医薬組成物は、一般的には、全組成物の重量当り、活性薬剤の約0.0001ないし99重量%、好ましくは約0.001ないし50重量%、より好ましくは約0.01ないし10重量%を含有するであろう。また、活性薬剤に加えて、該医薬組成物および医薬品は、他の医薬上活性な化合物を含有できる。他の医薬上活性な化合物の例には、限定されるものではないが、鎮痛剤、サイトカインおよび臨床医学の全ての主要領域における治療剤が含まれる。他の医薬上活性な化合物と共に用いる場合、本発明のコノトキシンペプチドは、薬物カクテルの形態にて送達できる。カクテルは、本発明で有用ないずれかの化合物と、もう一つの薬物または薬剤の混合物である。本具体例において、共通の投与ビヒクル（例えば、丸剤、錠剤、埋込み剤、ポンプ、注射溶液等）は、薬剤を補足的に増強する組合せにて本組成物の双方を含有するであろう。カクテルの個々の薬物は、治療上有効量にて各々投与される。治療上の有効量は、前記のパラメーターによって決定されるであろうが；それは、いずれの事象においても薬物が、所望の効果を達成するのに有効である時間に必要とされる身体の領域における薬物レベルを確立するその量である。

【0080】

本発明の実施には、特記されない限り、化学、分子生物学、微生物学、組換えDNA、遺伝子学、免疫学、細胞生物学、細胞培養およびトランスジェニックバイオロジーを使用し、それらは当該技術分野の技量内にある。例えば、Maniatis

ら、1982; Sambrookら、1989; Ausubelら、1992; Glover、1985; Anand、1992; GuthrieおよびFink、1991; HarlowおよびLane、1988; JakobyおよびPastan、1979; Nucleic Acid Hybridization (B. D. HamesおよびS. J. Higgins編 1984); Transcription And Translation (B. D. HamesおよびS. J. Higgins編 1984); Culture Of Animal Cells (R. I. Freshney、Alan R. Liss、Inc.、1987); Immobilized Cells And Enzymes (IRL Press、1986); B. Perbal、A Practical Guide To Molecular Cloning (1984); 論文、Methods In Enzymology (Academic Press、Inc.、N.Y.) ; Gene Transfer Vectors For Mammalian Cells (J. H. MillerおよびM. P. Calos編、1987、Cold Spring Harbor Laboratory); Methods In Enzymology、第154および155巻 (Wuら編)、Immunochemical Methods In Cell And Molecular Biology (MayerおよびWalker編、Academic Press、London、1987); Handbook Of Experimental Immunology、第I - IV巻 (D. M. WeirおよびC. C. Blackwell編、1986); Riott、Essential Immunology、第6版、Blackwell Scientific Publications、Oxford、1988; Hoganら、Manipulating the Mouse Embryo、(Cold Spring Harbor Laboratory Press、Cold Spring Harbor、N.Y.、1986) 参照。

【0081】

実施例

本発明を以下の実施例に参照することによって説明するが、それは例示的な方法によって提供するもので、如何なる場合においても本発明を限定することを意図するものではない。当該技術分野でよく知られている標準的な技術、または以下に特記される技術を利用した。

【0082】

実施例1

O - スーパーファミリー・コノトキシンの単離

毒液管から粗製毒液を抽出し (Cruzら、1976)、従前に記載されているごとく成分を精製した (Cartierら、1996)。毒液管からの粗製抽出物を、Vydac C₁₈ 半分取用カラム (10 × 250 mm) を用いる逆相液体クロマト

グラフィー (R P L C) によって精製した。生物活性ピークのさらなる精製は、V y d a c C₁₈分析用カラム (4 . 6 × 2 2 0 mm) にて行った。流出物は220 mmでモニターした。ピークを収集し、そのアリコートに活性につきアッセイした。

【 0 0 8 3 】

精製ペプチドのアミノ酸配列は、標準的な方法によって決定した。120Aアナライザを有するApplied Biosystems 477Aタンパク質シーケンサー上の自動エドマン分解によって配列決定する前に、精製したペプチドを還元し、アルキル化した (DNA / Peptide Facility , University of Utah) (Martinezら、1995 ; Shonら、1994) 。

この方法により、ペプチド - G m V I A、 - P V I A、 - S V I E、 - S V I E [D 1 E]、 - N g V I A、 - T x V I Aおよびイスラエル T x V I Aを得た。

【 0 0 8 4 】

実施例 2

コノペプチドの合成

成熟毒素または前駆体ペプチドのいずれかのコノペプチドの合成は、Cartierら (1996) によって記載されているごとく慣用的な保護化学を用いて別々に行った。簡単には、Bachem社 (Torrence , CA) から購入したアミノ酸誘導体とAB I model 430Aペプチド合成器を用いる、2 - (1 H - ベンゾトリオール - 1 - イル) - 1 , 1 , 3 , 3 - テトラメチルウロニウム・テトラフルオロホウ酸化カップリングを用いるF m o c手法によって、R i n kアミド樹脂上に線状鎖を構成した。直交保護をシステインに対して用いた：2つのシステインは安定なC y s (S - アセトアミドメチル) として保護し、一方、他の2つのシステインは酸に不安定なC y s (S - トリチル) として保護した。末端F m o c保護基を除去し、樹脂からペプチドを切断した後に、放出されたペプチドは、反応混合物を - 10 のメチル t - ブチルエーテルに濾過することによって沈澱させ、それはC y s (S - アセトアミドメチル) 以外の保護基を除去した。そのペプチドを0 . 1 % T F Aおよび60 %アセトニトリルに溶解し、V y d a c C₁₈分取用カラ

ム(22×250mm)上のRPLCによって精製し、0.1% TFA中のアセトニトリルの勾配で20mL/分の流速にて溶出させた。

【0085】

3つのコノペプチド中のジスルフィド架橋は、Cartierら(1996)に記載されているごとく形成した。簡単には、システインの1のペアの間のジスルフィド架橋は空気酸化によって形成し、これは分析用RPLCによって完了したことを判断した。単環ペプチドはVydac C₁₈分取用カラム(22×250mm)上のRPLCによって精製し、0.1% TFA中のアセトニトリルのグラジエントで溶出した。S-アセトアミドメチル基の除去および他のペアのシステインの間のジスルフィド架橋の閉鎖はヨウ素酸化によって同時に行った。環状ペプチドは、Vydac C₁₈分取用カラム(22×250mm)でのRPLCによって精製し、0.1% TFA中のアセトニトリルの勾配にて溶出させた。

【0086】

実施例3

O-スーパーファミリー・コノトキシンをコードするDNAの単離

本明細書に記載されたコノトキシンをコードするDNAは、Oliveraら(1996)に記載されているごとき、当該技術分野でよく知られている一般的手法を用いる慣用技術に従って単離およびクローン化した。別法として、cDNAライブラリーは、慣用技術を用いてコーヌス毒液管から調製した。単クローンからのDNAは、M13ユニバーサル・プライミング部位およびM13リバーズ・ユニバーサル・プライミング部位にほぼ対応するプライマーを用いる慣用技術によって増幅させた。ほぼ300-500ヌクレオチドのサイズを有するクローンを配列決定し、実施例1で単離したO-スーパーファミリー・コノトキシンを含めた既知のO-スーパーファミリー・コノトキシンに対する配列中の類似性につきスクリーニングした。DNA配列、コードされたプロペプチド配列および成熟毒素の配列を付属の表1に記載する。また、成熟毒素をコードするDNA配列は、これらの頁に記載しているDNA配列に基づいて調製できる。該コノトキシンの整列を表2に記載する。

。

【0087】

表1

成熟O - スーパーファミリー・コノトキシン、プロペプチド、
およびプロペプチドをコードするDNAの配列

名称： -GmVIA

種：gloriamaris

単離：はい

クローニング：はい

DNA配列：

【0088】

【化1】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCGGAAATGGAATGGAGATTCTTTTTCCGAAGGCGGGTCA
CGAAATGGAGAACCTCGAAGTCTCTAATCGGGTCAAGCCGTGCCGTAAAGAAGGTC
AACTTTGTGATCCGATATTTCAAACCTGCTGCCGTGGCTGGAATTGCGTTCTTTTCTG
CGTCTGAAACTACCGTGATGTCTTCTCTCCCCTC (配列番号：1)

【0089】

翻訳：

【0090】

【化2】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTADDSGNGMEILFPKAGHEMENLEVSNRVKPCRKEGQ
LCDPIFQNCRCGWNCVLFV (配列番号：2)

【0091】

毒素配列：

【0092】

【化3】

Val-Lys-Xaa3-Cys-Arg-Lys-Xaa1-Gly-Gln-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Phe-Gln-Asn-Cys-Cys-Arg-
Gly-Xaa4-Asn-Cys-Val-Leu-Phe-Cys-Val-^ (配列番号：3)

【0093】

名称： -GmVIA [F15Y]

種：gloriamaris

毒素配列：

【0094】

【化4】

Val-Lys-Xaa3-Cys-Arg-Lys-Xaa1-Gly-Gln-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Xaa5-Gln-Asn-Cys-Cys-Arg-Gly-Xaa4-Asn-Cys-Val-Leu-Phe-Cys-Val-^ (配列番号：4)

【0095】

名称：-GmVIA [F27Y]

種：gloriamaris

単離：いいえ

毒素配列：

【0096】

【化5】

Val-Lys-Xaa3-Cys-Arg-Lys-Xaa1-Gly-Gln-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Phe-Gln-Asn-Cys-Cys-Arg-Gly-Xaa4-Asn-Cys-Val-Leu-Xaa5-Cys-Val-^ (配列番号：5)

【0097】

名称：Omaria9

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0098】

【化6】

GAAGCTGGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCTGGGTCGACATCATCATCA
TCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCGCTGCCAGACTATAATAAACATT
CAAGTCTCTCTTTCTTTTTGTGTCTGACAGATCGATCAGGATGTGCCGTAGAGAAGC
TCAACTTTGTGATCCGATTTTTCAAACCTGCTGCCATGGCTTGTTTTGCGTTTTGGTC
TGCGTCTAAAACCTACCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGC
TCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTG
TCACCTAAATTC AATTC ACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCT
GGCGTTACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCGTAAT
AGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGA
ATGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCATTAT (配列番号：6)

【0099】

翻訳：

【0100】

【化7】

SIRMCRREAQLCDPIFQNCCHGLFCVLVCV (配列番号：7)

【0101】

毒素配列：

【0102】

【化8】

Met-Cys-Arg-Arg-Xaa1-Ala-Gln-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Phe-Gln-Asn-Cys-Cys-His-Gly-Leu-Phe-Cys-Val-Leu-Val-Cys-Val-^ (配列番号：8)

【0103】

名称：Tx6.11

種：textile

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0104】

【化9】

GGCATTACCTAAAACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGT
GCTGTTCTTGACCGCTGGACATTCGTACGGCTGATGACTCCAGAAATGGAATGGA
GAATCTTTTTCCGAAGGCAGGTCACGAAATGGAGAACCCTCGAAGACTCTAAACACA
GGCACCAGGAGAGACCGGACACCGGCGACAAAGAAGAGATGCTGCTACAGAGACA
GGTCAAGCCGTGTCGTAAAGAACATCAACTTTGTGATCTGATTTTTCAAAACTGCTG
CCGTGGCTGGTATTGCGTTGTTCTGTCTTGCACCTGAAAGCTACCTGATGTGTTCTAC
TCCCATC (配列番号：9)

【0105】

翻訳：

【0106】

【化10】

MKLT CMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRNGMENLFPKAGHEMENLEDSKHRHQERPDTG
DKBEMLLQRQVKPCRKEHQLCDLIFQNCCRGWYCVVLSCT (配列番号：10)

【0107】

毒素配列：

【0108】

【化11】

Xaa2-Val-Lys-Xaa3-Cys-Arg-Lys-Xaa1-His-Gln-Leu-Cys-Asp-Leu-Ile-Phe-Gln-Asn-Cys-Cys-
Arg-Gly-Xaa4-Xaa5-Cys-Val-Val-Leu-Ser-Cys-Thr-^ (配列番号：11)

【0109】

名称：Om6.6

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0110】

【化12】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCGTTGCCGTGCTGTCCTTGACCGGCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCTGGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGCACATCAC
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCGTTCACACGAGGG
CCCTTGTAATTGGCTTACACAAAAGTCTGTCAGTGGTTATAATTGCATCATTTTTTTC
TGCCATAAAACTACCGTGATGTCTTCTTCCCCTC (配列番号：12)

【0111】

翻訳：

【0112】

【化13】

MKLTCLMIVAVLSLTGWTFVTADDSGNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNKRCVPHEG
PCNWLTQNCCSGYNCHIFFCL (配列番号：13)

【0113】

毒素配列：

【0114】

【化14】

Cys-Val-Xaa3-His-Xaa1-Gly-Xaa3-Cys-Asn-Xaa4-Leu-Thr-Gln-Asn-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa5-Asn-Cys-Ile-Ile-Phe-Phe-Cys-Leu-^ (配列番号：14)

【0115】

名称：Da6.2

種：dalli

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0116】

【化15】

ATGAAACTGACGTGCCTGCTGATCATTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCGGAAATGGAATGGAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCA
CGAAATGGAGAACCTCGAAGACTCTAAACACAGGCACCAGGAGACCGGACACG
GGCGACAAAGAAGAGATGCTGCTACAGAGACAGGTCAAGCCGTGTCGTAAAGAAC
ATCAACTTTGTGATCTGATTTTTCAAACCTGCTGCCGTGGCTGGTATTGCTTGCTTCG
TCCTTGATCTGAAACTACCGTGATGTCTTCTCTCCCATC (配列番号：15)

【0117】

翻訳：

【0118】

【化16】

MKLTCLLIIVLFLTAWTFVTADDSGNGMENLFPKARHEMENLEDSKHRHQERPDTGD
KEEMLLQRQVKPCRKEHQLCDLIFQNCRCRWYCLLRPCI (配列番号：16)

【0119】

毒素配列：

【0120】

【化17】

Xaa2-Val-Lys-Xaa3-Cys-Arg-Lys-Xaa1-His-Gln-Leu-Cys-Asp-Leu-Ile-Phe-Gln-Asn-Cys-Cys-Arg-Gly-Xaa4-Xaa5-Cys-Leu-Leu-Arg-Xaa3-Cys-Ile-^ (配列番号：17)

【0121】

名称：Da6.6

種 : dalli

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0122】

【化18】

ATGAAACTGACGTGTATGCTGATCATTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCGGAAATGGAATGGAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCA
CGAAATGGAGAACCTCGAAGACTCTAAACACAGGCACCAGGAGAGACCGGACACG
GGCGACAAAGAAGAGATGCTGCTACAGAGACGGGTCAAGCCGTGCAGTGAAGAAG
GTCAACTTTGTGATCCACTTTCTCAAACTGCTGCCGTGGCTGGCATTGCGTTCCTTGT
CTCTTGCGTCTGAAACTACCGTGATGTCTTCTCTCCCATC (配列番号 : 18)

【0123】

翻訳 :

【0124】

【化19】

MKLTCLMIIAVLFLTAWTFVTADDSGNGMENLFPKARHEMENLEDSKHRHQERPDG
KEEMLLQRRVKPCSEEGQLCDPLSQNCCRGWHCVLVSCV (配列番号 : 19)

【0125】

毒素配列 :

【0126】

【化20】

Val-Lys-Xaa3-Cys-Ser-Xaa1-Xaa1-Gly-Gln-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Leu-Ser-Gln-Asn-Cys-Cys-
Arg-Gly-Xaa4-His-Cys-Val-Leu-Val-Ser-Cys-Val-^ (配列番号 : 20)

【0127】

名称 : -TxVIA

種 : textile

単離 : はい

クローニング : はい

DNA配列 :

【0128】

【化21】

AAACATCGCCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGAC
 CGCCTGGACATTTGCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTC
 GAATGCACATCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGGT
 GCAAACAAAGCGGTGAAATGTGTAATTTGTTAGACCAAACTGCTGCGACGGCTAT
 TGCATAGTACTTGTCTGCACATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCTCCCTCTGTGCT
 ACCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGTCTTCACTGGTTATGAACCCCCCCCCC
 CCCCCCCCCCCCCCTCCGGCTCTCTGGAGGCCTCGGGGGTTCAACATCCAAATAA
 AGTGACAG (配列番号：21)

【0129】

翻訳：

【0130】

【化22】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFATADDPNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNKRWCKQS
 GEMCNLLDQNCDDGYCIVLVCT (配列番号：22)

【0131】

毒素配列：

【0132】

【化23】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-
 Xaa5-Cys-Ile-Val-Leu-Val-Cys-Thr-^ (配列番号：23)

【0133】

名称：-TxVIA [M8J]

種：textile

毒素配列：

【0134】

【化24】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Xaa6-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-
 Xaa5-Cys-Ile-Val-Leu-Val-Cys-Thr-^ (配列番号：24)

【0135】

名称：M6.4

種 : magus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0136】

【化25】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGCACATCAC
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGGTGCAAACAAAGCG
GTGAAATGTGTAATTTGTTAGACCAAACTGCTGCGACGGCTATTGCATAGTACTTG
TCTGCACATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 25)

【0137】

翻訳 :

【0138】

【化26】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNKRWCKQSG
EMCNLLDQNCDDGYCIVLVCT (配列番号 : 26)

【0139】

毒素配列 :

【0140】

【化27】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-
Xaa5-Cys-Ile-Val-Leu-Val-Cys-Thr-^ (配列番号 : 27)

【0141】

名称 : Israel TxIA

種 : textile

単離 : はい

クローニング : いいえ

毒素配列 :

【0142】

【化28】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-
Xaa5-Cys-Ile-Val-Phe-Val-Cys-Thr-^ (配列番号 : 28)

【0143】

名称 : Di6.2

種 : distans

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0144】

【化29】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGCACATCAC
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGGTGCAAACAAAGCG
GTGAAATGTGTAATTTGTTAGACCAAACTGCTGCGACGGCTATTGCATAGTACTTG
TCTGCACATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 29)

【0145】

翻訳 :

【0146】

【化30】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNKRWCKQSG
EMCNLLDQNCCDGYCIVLVCT (配列番号 : 30)

【0147】

毒素配列 :

【0148】

【化31】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-
Xaa5-Cys-Ile-Val-Leu-Val-Cys-Thr-^ (配列番号 : 31)

【0149】

名称 : Af6.9

種 : *ammiralis*

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0150】

【化32】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGCACATCAC
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGGTGCAAACAAAGCG
GTGAAATGTGTAATTTGTTAGACCAAAACTGCTGCGAGGGCTATTGCATAGTACTTG
TCTGCACATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 32)

【0151】

翻訳 :

【0152】

【化33】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNKRWCKQSG
EMCNLLDQNCCEGYCIVLVCT (配列番号 : 33)

【0153】

毒素配列 :

【0154】

【化34】

Xaa4-Cys-Lys-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asn-Leu-Leu-Asp-Gln-Asn-Cys-Cys-Xaa1-Gly-
Xaa5-Cys-Ile-Val-Leu-Val-Cys-Thr-^ (配列番号 : 34)

【0155】

名称 : Da6.4

種 : *dalli*

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0156】

【化35】

ATGAA[~]ACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTGAAGGCACATCA
 CGAAATGAACCCCGAAGCCTCTAAGTTGAATGAGAGGTGCCTTGGTGGTGGTGAAG
 TTTGTGATATCTTTTTTCCACAATGCTGTGGCTATTGCATTCTTCTTTTTCTGCACATAA
 AACTACCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 35)

【0157】

翻訳 :

【0158】

【化36】

MKLTCEMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLENLFLKAHHEMNPEASKLNERCLGGGEV
 CDIFFPQCCGYCILLFCT (配列番号 : 36)

【0159】

毒素配列 :

【0160】

【化37】

Cys-Leu-Gly-Gly-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asp-Ile-Phe-Phe-Xaa3-Gln-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-Ile-
 Leu-Leu-Phe-Cys-Thr-^ (配列番号 : 37)

【0161】

名称 : Gm6.5

種 : gloriamaris

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0162】

【化38】

GCTTGCACGGTGAATTTGGCTTCACAGTTTTCCACTGTCGTCTTTGGCATCATCTGAA
ACATCGCCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCG
CCTGGACATTTGCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGGGAATATTTTTTCGA
ATGCACATCACGAAATGAAGAATCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCCGT
CTAGGGGCTGAAAGTTGTGATGTAATTTACAAAAGTCTGCTGCCAAGGCACGTGCGT
TTTTTCTGCTTACCATGATGTCTTCTATTCTCCTCTGTGCTACCTGGCTTGATCTTTC
ATTAGCGCGTGCCTTTCACTGGTTATGAACCCCTGATCCGACTCTCTGGCAGCCTC
GGGGTTCAACATCCAAATAAAACGACAGCACAAATGACAAA (配列番号 : 38)

【0163】

翻訳 :

【0164】

【化39】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFATADDPNGLGNIFSNAAHHEMKNPEASKLNKRCRLGAE
SCDVISQNCQGTGVFFCLP (配列番号 : 39)

【0165】

毒素配列 :

【0166】

【化40】

Cys-Arg-Leu-Gly-Ala-Xaa1-Ser-Cys-Asp-Val-Ile-Ser-Gln-Asn-Cys-Cys-Gln-Gly-Thr-Cys-Val-
Phe-Phe-Cys-Leu-Xaa3-^ (配列番号 : 40)

【0167】

名称 : Gm6.6

種 : gloriamaris

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0168】

【化41】

GGATCCTTGCACGGTGAATTTGGCTTCACAGTTTCCACTGTCGTCTTTCGCATCATC
 CAAAACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTG
 ACCGCCTGGACATTCGCCACGGCTGATGACCCCAAGAAATGGATTGGAGAACTTTT
 TTCGAATACACATCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGT
 GCAAACAAGCTGATGAATCTTGTAATGTATTTTCACTTGACTGCTGCACCGGCTTAT
 GCTTGGGATTCTGCGTATCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTgCTACCTGGCTTGAT
 CTTTGATTGGCGTGTGCCTTTCATTGGTTATGAACCCCTGATCCGATTCTTTGGCG
 GCCTCGGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCGACAGCACATAAAAAA (配列番号 : 4 1)

【0169】

翻訳 :

【0170】

【化42】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLEKLFSENTHHEMKNPEASKLNKRCKQADE
 SCNVFSLDCCTGLCLGFCVS (配列番号 : 4 2)

【0171】

毒素配列 :

【0172】

【化43】

Cys-Lys-Gln-Ala-Asp-Xaa1-Ser-Cys-Asn-Val-Phe-Ser-Leu-Asp-Cys-Cys-Thr-Gly-Leu-Cys-
 Leu-Gly-Phe-Cys-Val-Ser-^ (配列番号 : 4 3)

【0173】

名称 : Gm6.3

種 : gloriamaris

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0174】

【化44】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACCTGGACATTC
 GCCACGGCCATCACCAGGAATGGATTGGGGAATCTTTTCCGAAGAATCATCACGA
 AATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCGTTCCATACGAGGGCC
 CTTGTAATTGGCTTACACAAAAGCTGCTGCGATGAGCTATGCGTATTTTCTGCCTAT
 AAAACTAGCCTGATGT (配列番号 : 4 4)

【0175】

翻訳：

【0176】

【化45】

MKLT CMMIVAVLFLTTWTFATAITRNLGNLFPKNHHEMKNPEASKLNKRCVPEGPC
NWL TQNCCDEL CVFFCL (配列番号：45)

【0177】

毒素配列：

【0178】

【化46】

Cys-Val-Xaa3-Xaa5-Xaa1-Gly-Xaa3-Cys-Asn-Xaa4-Leu-Thr-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Xaa1-
Leu-Cys-Val-Phe-Phe-Cys-Leu-^(配列番号：46)

【0179】

名称：M6.5

種：magus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0180】

【化47】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTCTTCTTGACCGTCTGGACATTC
GCCACGGCTGATGACTCCGGAAATGGATTGGAGAACTTTTTTCGAATGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCAAACAAGCTGAT
GAACCTTGTGATGTATTTCACTTGAATGCTGCACCGGCATATGTCTTGGATTCTGC
ACGTGGTGATGTCTTCCCTCCCCTC(配列番号：47)

【0181】

翻訳：

【0182】

【化48】

MKLTTCVMIVAVLFLTVWTFATADDSGNGLKLFNSNAHHEMKNPEASKLNKRCKQADE
PCDVFSLECCTGICLGFCTW(配列番号：48)

【0183】

毒素配列：

【0184】

【化49】

Cys-Lys-Gln-Ala-Asp-Xaa1-Xaa3-Cys-Asp-Val-Phe-Ser-Leu-Xaa1-Cys-Cys-Thr-Gly-Ile-Cys-
Leu-Gly-Phe-Cys-Thr-Xaa4-^(配列番号：49)

【0185】

名称：Tx6.2

種：textile

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0186】

【化50】

GCCTTGACACGGTGAATTTGGCTTCATAGTTTTCCACTGTCGTCTTTGGCATCATCCAA
AACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACC
GCCTGGACATTCGCCACGGCTGATGACTCCAGCAATGGATTGGAGAATCTTTTTTTG
AAGGCACATCACGAAATGAACCCCGAAGCCTCTAAGTTGAACGAGAGGTGCCTTGA
TGCTGGTGAAGTTTGTGATATTTTTTTTCCAACATGCTGCGGCTATTGCATTCTTCTT
TTCTGCGCATAAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTACCTGGCTTGAT
CTTTGATTGGCGCGTACCCTTCACTGGTTATGAAACCCCTGATCCAGCTCTCTGGAG
GCCTCGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCGACA(配列番号：50)

【0187】

翻訳：

【0188】

【化51】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFATADDSNGLNENLFLKAHHEMNPEASKLNERCLDAGEV
CDIFFPTCCGYCILLFCA(配列番号：51)

【0189】

毒素配列：

【0190】

【化52】

Cys-Leu-Asp-Ala-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asp-Ile-Phe-Phe-Xaa3-Thr-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-Ile-Leu-Leu-Phe-Cys-Ala-^(配列番号：52)

【0191】

名称：KK-1

種：textile

毒素配列：

【0192】

【化53】

Cys-Ile-Xaa1-Gln-Phe-Asp-Xaa3-Cys-Xaa1-Met-Ile-Arg-His-Thr-Cys-Cys-Val-Gly-Val-Cys-Phe-Leu-Met-Ala-Cys-Ile-^(配列番号：53)

【0193】

名称：KK-2

種：textile

毒素配列：

【0194】

【化54】

Cys-Ala-Xaa3-Phe-Leu-His-Xaa3-Cys-Thr-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Asn-Cys-Cys-Asn-Ser-Xaa5-Cys-Val-Gln-Phe-Ile-Cys-Leu-^(配列番号：54)

【0195】

名称：Om6.1

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0196】

【化55】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGAGAATTTTTTTTCGAAGACACAACA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCCTAGCAGAACATG
AAACTTGTAATATATTTACACAAAACCTGCTGCGAAGGCGTGTGCATTTTTATCTGCG
TACAAGCTCCAGAGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 55)

【0197】

翻訳 :

【0198】

【化56】

MKLTCMMIVAVLFLTAWTFATADDPNGLNFFSKTQHEMKNPEASKLNKRCLAEHE
TCNIFTQNCCEGVCIFICVQAPE (配列番号 : 56)

【0199】

毒素配列 :

【0200】

【化57】

Cys-Leu-Ala-Xaa1-His-Xaa1-Thr-Cys-Asn-Ile-Phe-Thr-Gln-Asn-Cys-Cys-Xaa1-Gly-Val-Cys-
Ile-Phe-Ile-Cys-Val-Gln-Ala-Xaa3-Xaa1-^(配列番号 : 57)

【0201】

名称 : Om6.3

種 : omaria

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0202】

【化58】

ATGAAACTGACTGTCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGAAGACCCAGACATGGATTGGAGAATCTTTTTTCGAAGGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCTGAAGACTCTAAATTGGACAAGAGGTGCATTCCACATTTG
ACCCTTGTGACCCGATACGCCACACCTGCTGCTTTGGCCTGTGCCTACTAATAGCCT
GCATCTAAACTGCCGTGATGTCTTCTCTCCCATC (配列番号 : 58)

【0203】

翻訳：

【0204】

【化59】

MKLTVMIMIVAVLFLTAWTFATAEDPRHGLENLFSKAHHEMKNPEDSKLDKRCIPHFDP
CDPIRHTCCFGLCLLIACI (配列番号：59)

【0205】

毒素配列：

【0206】

【化60】

Cys-Ile-Xaa3-His-Phe-Asp-Xaa3-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Arg-His-Thr-Cys-Cys-Phe-Gly-Leu-Cys-
Leu-Leu-Ile-Ala-Cys-Ile-^ (配列番号：60)

【0207】

名称：Om6.4

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0208】

【化61】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGACCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGAAGACCCAGAGATGGATTGAAGAATCTTTTATCAAATGCACATAA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTACATTGAACGAGAGGTGCCTTGGGTTTGGTG
AAGCTTGTCTTATACTTTATTCAGACTGCTGCGGCTATTGCGTTGGTGCTATCTGCCT
ATAAACTACCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：61)

【0209】

翻訳：

【0210】

【化62】

MKLTVMIMIVAVLFLTAWTFVTAEDPRDGLKNLLSNAHNEMKNPEASTLNERCLGFGE
ACLILYSDCCGYCVGAICL (配列番号：62)

【0211】

毒素配列：

【0212】

【化63】

Cys-Leu-Gly-Phe-Gly-Xaa1-Ala-Cys-Leu-Ile-Leu-Xaa5-Ser-Asp-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-Val-Gly-Ala-Ile-Cys-Leu-^ (配列番号：63)

【0213】

名称：Au6.1

種：aulicus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0214】

【化64】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTCGAAGACACAACA
CAAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCAAAGCAGAAAAT
GAACTTTGTAATATATTTATACAAAACCTGCTGCGACGGGACGTGCCTTCTTATCTGC
ATACAAAATCCACAGTGATGTCTTCTCTCCTACCCTC (配列番号：64)

【0215】

翻訳：

【0216】

【化65】

MKLTCEVMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLENLFSKTQHKMKNPEASKLNKRCKAENE
LCNIFIQNCCDGTCLLICIQNPQ (配列番号：65)

【0217】

毒素配列：

【0218】

【化66】

Cys-Lys-Ala-Xaa1-Asn-Xaa1-Leu-Cys-Asn-Ile-Phe-Ile-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-Thr-Cys-Leu-Leu-Ile-Cys-Ile-Gln-Asn-Xaa3-Gln-^ (配列番号 : 66)

【0219】

名称 : Au6.2

種 : aulicus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0220】

【化67】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTTGCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGATAATCGTTTTTCGAAGGCACGTCCGAAATGAATAACCGCAGAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCCTTGAGTTTGGTGAACCTTTGTAATTTTTTTTTCCCAACCTGCTGCGGCTATTGCGTTCCTTCTGTCTGCCTATAAACTACCGTGATGTCTTCTCTCCCTC (配列番号 : 67)

【0221】

翻訳 :

【0222】

【化68】

MKLTTCVMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLDNRFSKARHEMNRRASKLNKRCLEFGE LCNFFFPTCCGYCVLLVCL (配列番号 : 68)

【0223】

毒素配列 :

【0224】

【化69】

Cys-Leu-Xaa1-Phe-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Asn-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Thr-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-Val-Leu-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 69)

【0225】

名称 : Da6.5

種 : dalli

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0226】

【化70】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GTCATGGCTGATGACTCCGGAAATGGATTGGAAAATCTGTTTTCGAAGGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCTGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCGCTCAAAGCAGTG
AATTATGTGATGCGCTGGACTCAGACTGCTGCAGTGGTGTTCATGGTATTTTTCT
GCCTATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCTATCCCTC (配列番号：70)

【0227】

翻訳：

【0228】

【化71】

MKLTCEMIVAVLFLTAWTFVMADDSGNLENLFSKAHHEMKNPEASKLNKRCAQSSE
LCDALDSDCCSGVCMVFFCL (配列番号：71)

【0229】

毒素配列：

【0230】

【化72】

Cys-Ala-Gln-Ser-Ser-Xaal-Leu-Cys-Asp-Ala-Leu-Asp-Ser-Asp-Cys-Cys-Ser-Gly-Val-Cys-
Met-Val-Phe-Phe-Cys-Leu-^ (配列番号：72)

【0231】

名称：Di6.4

種：distant

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0232】

【化73】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGACCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGAAGACCCCAGAGATGGATTGAGGAATCTTTTATCGAATGCACGTCA
 TGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACGAGAGGTGCCTTGGGTTTGGTG
 AAGCTTGTCTTATGCTTTATTCAGACTGCTGCAGCTATTGCGTTGGTGCTGTCTGCCT
 ATAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCATC (配列番号 : 73)

【0233】

翻訳 :

【0234】

【化74】

MKLTVCVMTVAVLFLTAWTFVTAEDPRDGLRNLLSNARHEMKNPEASKLNERCLGFGE
 ACLMLYSDCCSYCVGAVCL (配列番号 : 74)

【0235】

毒素配列 :

【0236】

【化75】

Cys-Leu-Gly-Phe-Gly-Xaa1-Ala-Cys-Leu-Met-Leu-Xaa5-Ser-Asp-Cys-Cys-Ser-Xaa5-Cys-Val-
 Gly-Ala-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 75)

【0237】

名称 : Pn6.2

種 : pennaceus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0238】

【化76】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGACCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
 GCCACGGCTGAAGACCCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTCGAAGGCACATCA
 CGAAATGAAGAACCCTGAAGACTCTAAATTGGACAAGAGGTGCGTTAAATATCTTG
 ACCCTTGTGACATGTTACGCCACACCTGCTGCTTTGGCCTGTGCGTACTAATAGCCT
 GCATCTAAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCATC (配列番号 : 76)

【0239】

翻訳：

【0240】

【化77】

MKLTCLMTVAVLFLTAWTFATAEDPRNGLLENLFSKAHHEMKNPEDSKLDRKCVKYLD
PCDMLRHTCCFGLCVLIACI (配列番号：77)

【0241】

毒素配列：

【0242】

【化78】

Cys-Val-Lys-Xaa5-Leu-Asp-Xaa3-Cys-Asp-Met-Leu-Arg-His-Thr-Cys-Cys-Phe-Gly-Leu-Cys-
Val-Leu-Ile-Ala-Cys-Ile-^ (配列番号：78)

【0243】

名称：Pn6.3

種：pennaceus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0244】

【化79】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGCACATCAC
GAAATGAAGAACCCCGAAGCTTCTAAATTGAACGAGAGGTGCCTTGGGTTTGGTGA
AGTTTGCAATTTCTTTTTTCCAAACTGCTGCAGCTATTGCGTTGCTCTTGTCTGCCTA
TAAACTACCGTGATGTCTTCTATTCCCCTC (配列番号：79)

【0245】

翻訳：

【0246】

【化80】

MKLTICVMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLGNLFSNAHHEMKNPEASKLNERCLGFGE
VCNFFFPNCCSYCVLVCL (配列番号：80)

【0247】

毒素配列：

【0248】

【化81】

Cys-Leu-Gly-Phe-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asn-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Asn-Cys-Cys-Ser-Xaa5-Cys-Val-Ala-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：81)

【0249】

名称：Pn6.4

種：pennaceus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0250】

【化82】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGCTCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GCCACGGCTGATGACTCCAGCAATGGACTGGAGAATCTTTTTTCGAAGGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCATTCCACAATTTG
ATCCTTGTGACATGGTACGTCACACTTGCTGCAAAGGGTTGTGCGTACTAATAGCCT
GCTCTAAACTGCGTGATGTCTTCATCTCCCCTC (配列番号：82)

【0251】

翻訳：

【0252】

【化83】

MKLTVCMLVAVLFLTAWTFATADDSSNGLENLFSKAHHEMKNPEASKLNKRCIPQFDP
CDMVRHTCCKGLCVLIACSKTA (配列番号：83)

【0253】

毒素配列：

【0254】

【化84】

Cys-Ile-Xaa3-Gln-Phe-Asp-Xaa3-Cys-Asp-Met-Val-Arg-His-Thr-Cys-Cys-Lys-Gly-Leu-Cys-Val-Leu-Ile-Ala-Cys-Ser-Lys-Thr-Ala-^ (配列番号 : 84)

【0255】

名称 : Pn6.7

種 : pennaceus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0256】

【化85】

ATGAAACTGACGTGCTTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGAGAATTTTTTTTCGAAGACACAACA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCAAAGCAGAAAGT
GAAGCTTGTAATATAATTACACAAAAGTCTGCGACGGCAAGTGCCTTTTTTCTGC
ATACAAATCCAGAGTGATGTCTTCTCCTCCCATC (配列番号 : 85)

【0257】

翻訳 :

【0258】

【化86】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFATADDPNGLNFFSKTQHEMKNPEASKLNKRCKAEESEA
CNIITQNCCDGKCLFFCIQIPE (配列番号 : 86)

【0259】

毒素配列 :

【0260】

【化87】

Cys-Lys-Ala-Xaa1-Ser-Xaa1-Ala-Cys-Asn-Ile-Ile-Thr-Gln-Asn-Cys-Cys-Asp-Gly-Lys-Cys-Leu-Phe-Phe-Cys-Ile-Gln-Ile-Xaa3-Xaa1-^ (配列番号 : 87)

【0261】

名称 : Omaria3

種 : omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0262】

【化88】

GGTCGACATCATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCATTCGCT
GCCAGACTGTCATAAATATTCGAGTCTCTCCTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGAAC
AAGAGGTGCATTGACGGTGGTGAAATTTGTGATATTTTTTTTCCAAACTGCTGCAGT
GGGTGGTGCATTATTCTCGTCTGCGCATGAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC
TAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGA
CGTCATAGCTCTTCTATAGTGTACCTAAATTCAATTCAGTGGCCGTCGTTTTACAAC
GTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACCTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCC
CTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCAACAGT
TTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCATTAAAGCGCGGC
GGGTGTGGTGGGTaCGCGCAGCGTGACCGGTACACTTGCCAGCGCCCTAGCGCCCGC
TCCTTTTGCTTTCTTCCCTTCCCTTCTCGCCACCGTTCgCCC GGGT TTTCCCGTCaAG
CTC (配列番号：88)

【0263】

翻訳：

【0264】

【化89】

LNKRCIDGGEICDIFFPNCCSGWCILVCA (配列番号：89)

【0265】

毒素配列：

【0266】

【化90】

Cys-Ile-Asp-Gly-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Asp-Ile-Phe-Phe-Xaa3-Asn-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-
Ile-Ile-Leu-Val-Cys-Ala-^ (配列番号：90)

【0267】

名称：Omarial

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0268】

【化91】

GGTCGACATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCATTCGCTGCC
AGACTGTCATAAATATTCGAGTCTCTCCTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGAACAAG
AGGTGCCTTGACGGTGGTGAAATTTGTGGTATTTTGTTCCTCAAGCTGCTGCAGTGGG
TGGTGCATTGTTCTCGTCTGCGCATGAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTAG
TAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGT
CATAGCTCTTCTATAGTGTCACCTAAATTCAATTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTC
GTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTT
TCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCAACAAGTT
GCGCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCATTAAAGCGCGGCGG
GTGTGGTGGTTACGCGCACCGTGACCGCTACACTTGCCAGCGCCCTAGCCGCCCGCT
CCTTCGCTTTCTTCCCTTCTTTCTCGCACGTTTCGGCCGGCTTCCCCGTCAAGCTCT
AAATCGGGGGCTTCCCTTTTA (配列番号：91)

【0269】

翻訳：

【0270】

【化92】

LNKRCLDGGEICGILFPSCCSGWCIVLVCA (配列番号：92)

【0271】

毒素配列：

【0272】

【化93】

Cys-Leu-Asp-Gly-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Gly-Ile-Leu-Phe-Xaa3-Ser-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-
Ile-Val-Leu-Val-Cys-Ala-^ (配列番号：93)

【0273】

名称：Marm7

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0274】

【化94】

GGTCGACATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATCCATTCATTCGCTGCC
 AGACTGTAATAAATATTCGAGTCTCTCTTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGAACAAG
 AGGTGCCTTGAGTTTGGTGAAGTTTGTAAATTTTTTTTTCCCAACCTGCTGCGGCTATT
 GCGTTCTTCTGTCTGCCTATAAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTAGTAGT
 AGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATA
 GCTCTTCTATAGTGTACCTAAATTCAATTCAGTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGA
 CTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGC
 CAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCA
 GCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCATTAAAGCGCGGCGGGTGTG
 GTGGTTACGCGCAGCGTGACCGCTACACTTGCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTCCG
 CTTTCTCCCTTCCTTTCTCGCCACGTTTCGCCGGCTTTCCCGTCAA (配列番号：94)

【0275】

翻訳：

【0276】

【化95】

LNKRCLEFGEVCNFFFPTCCGYCVLLVCL (配列番号：95)

【0277】

毒素配列：

【0278】

【化96】

Cys-Leu-Xaa1-Phe-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asn-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Thr-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-
 Val-Leu-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：96)

【0279】

名称：Marm12

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0280】

【化97】

GAAAGCTGGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATCCCGGGTCGACATCATCATC
ATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTTCATTTCGCTGCCAGACTGTAATAA
ATATTCGAGTTTCTCCTTCTGTTTGTATCTGACAGGTTGAACAAGAGGTGCCAAGAG
TTCGGTGAAGTTTGTAAATTTTTTTTTCCAGACTGCTGCGGCTATTGCGTTCTTTTAC
TCTGCATATAAACTACCGTGATGTCTTCTTCCCATCTAGTAGTAGTAGTAGTAG
TAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGC
TCTTCTATAGTGTCACCTAAATTCAATTCACTGGCCGTCGTTTTACAACCGTCGTGAC
TGGGAAAACCCTGGCGTTCCCAACTTAATTCGCCTTGCAGCACAT (配列番号：97)

【0281】

翻訳：

【0282】

【化98】

LNKRCQEFGEVCNFFFPDCCGYCVLLLCI (配列番号：98)

【0283】

毒素配列：

【0284】

【化99】

Cys-Gln-Xaa1-Phe-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asn-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Asp-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-
Val-Leu-Leu-Leu-Cys-Ile-^ (配列番号：99)

【0285】

名称：Omaria7

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0286】

【化100】

TTTTGAAGCNGGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCTCCGGGTCGACATCATCA
 TCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCATTCGCTACCAGACTGTAATA
 AATATTCGGGTCTCTCTTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGGACAAGAGGTGCATTCC
 ACATTTTGACCCTTGTGACCCGATACGCCACACCTGCTGCTTTGGCCTGTGCCTACT
 AATAGCCTGCATCTAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCTCTAGTAGTAGTAGG
 CGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTC
 TATAGTGTACCTAAATTCAATTCCTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGA
 AAACCCTGGCGTTACCCAACCTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCCGCCAGCTG
 GCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGA
 ATGGCGAATGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCT (配列番号 : 100)

【0287】

翻訳 :

【0288】

【化101】

LDKRCIPHFDPDPIRHTCCFGLCLLIACI (配列番号 : 101)

【0289】

毒素配列 :

【0290】

【化102】

Cys-Ile-Xaa3-His-Phe-Asp-Xaa3-Cys-Asp-Xaa3-Ile-Arg-His-Thr-Cys-Cys-Phe-Gly-Leu-Cys-
 Leu-Leu-Ile-Ala-Cys-Ile-^ (配列番号 : 102)

【0291】

名称 : Omarial 1

種 : omaria

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0292】

【化103】

GGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCCGGGTCGACATCATCATCGATCC
 ATCTGTCCATCCATCCATTCTTTCAATTTGCTGCCAGACTGTAATAAATATTCGAGTCT
 CTCTTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGAACAAGAGGTGCCTTGAGTTTGGTGAAGTT
 TGTAATTTTTTTTTTCCCAACCTGCTGCGGCTATTGCGTTCTTCTTGTCTGCCTATAAA
 ACTACCGTGATGTCTTCTTCTTCCCCTCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGAT
 CCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTGTACCTAAAT
 TCAATTCAGTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCC
 AACTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGG
 CCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCG
 CCCTGTAGCGGCGCATTAAAG (配列番号 : 103)

【0293】

翻訳 :

【0294】

【化104】

LNKRCLEFGEVCNFFFPTCCGYCVLLVCL (配列番号 : 104)

【0295】

毒素配列 :

【0296】

【化105】

Cys-Leu-Xaa1-Phe-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asn-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Thr-Cys-Cys-Gly-Xaa5-Cys-
 Val-Leu-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 105)

【0297】

名称 : 06.5

種 : obscurus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0298】

【化106】

cgatccatctgtccatccatccatctgcttgcgtgctgccaactgtaataaataaccgagtctctctgtttgtatctgacagATCGAAAA
 AGCAATGCCGTCAAAATGGTGAAGTGTGTGATGCGAATTTGGCACACTGCTGCAGT
 GGCCCGTGTTTTCTTCTTCTGTCTAAACCAGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC
 (配列番号 : 106)

【0299】

翻訳：

【0300】

【化107】

VSDRSKKQCRQNGEVCDANLAHCCSGPCFLFCLNQP (配列番号：107)

【0301】

毒素配列：

【0302】

【化108】

Ser-Lys-Lys-Gln-Cys-Arg-Gln-Asn-Gly-Xaa1-Val-Cys-Asp-Ala-Asn-Leu-Ala-His-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa3-Cys-Phe-Leu-Phe-Cys-Leu-Asn-Gln-Xaa3-^ (配列番号：108)

【0303】

名称：Af6.8

種：ammiralis

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0304】

【化109】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCATTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACTCCGAAAATGGATTGGAAAATCTTTTTTCGAAGGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCCAAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCACTCAAAGCGGTG
AACTTTGTGATGTGATAGACCCAGACTGCTGCAATAATTTTTGCATTATATTTTTCTG
CATATAAAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC (配列番号：109)

【0305】

翻訳：

【0306】

【化110】

MKLTCVMIIAVLFLTAWTFATADDSGNLENLFSKAHHEMKNPKASKLNKRCTQSGEL
CDVIDPDCCNNFCIIFFCI (配列番号 : 110)

【0307】

毒素配列 :

【0308】

【化111】

Cys-Thr-Gln-Ser-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Asp-Val-Ile-Asp-Xaa3-Asp-Cys-Cys-Asn-Asn-Phe-Cys-
Ile-Ile-Phe-Phe-Cys-Ile-^ (配列番号 : 111)

【0309】

名称 : KK-2A

種 : textile

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0310】

【化112】

GGCATTACCTAAAACATCACCAAATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGT
GCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTCGCCACGGCTGATGACTCCGGAAATGGATTGGA
GAAACTTTTTTCGAATGCACATCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAATTTGA
ACAAGAGGTGCGCTCCTTTTCTTCACCTTTGTACCTTTTTCTTCCCAAAGCTGCTGCAA
CGGCTATTGCGTTCAATTTATCTGCCTATAAACTACTGTGATGTCTTCTATTCCCCT
C (配列番号 : 112)

【0311】

翻訳 :

【0312】

【化113】

MKLTCMMIVAVLFLTAWTFATADDSGNLEKLFNSNAHHEMKNPEASNLNKRCAFLH
LCTFFFPNCCNGYCVQFICL (配列番号 : 113)

【0313】

毒素配列 :

【0314】

【化114】

Cys-Ala-Xaa3-Phe-Leu-His-Leu-Cys-Thr-Phe-Phe-Phe-Xaa3-Asn-Cys-Cys-Asn-Gly-Xaa5-Cys-Val-Gln-Phe-Ile-Cys-Leu-^ (配列番号：114)

【0315】

名称：KKM1

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0316】

【化115】

GGATCCTAGCACAGTGAATTTGGCTTCACAGTTTTCCACTGTCGTCTTTGGCATCATC
CAAAACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTG
ACCGCCTGGACATTTGCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTT
TCGAAGGCACATCACGAAATGAAGAACCCCAAAGACTCTAAATTGAACAAGAGGT
GCCTTGACGCTGGTGAATGTGTGATCTTTTTAATTCAAATGCTGCAGTGGGTGGT
GCATTATTCTCTTCTGCGCATAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTA
CCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCCCCTGATCC
GACTCTCTGGCGGCCTCGGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCCGACACGATACTGAC
GTAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (配列番号：115)

【0317】

翻訳：

【0318】

【化116】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLLENLFSKAHHEMKNPKDSKLNKRCLDAGE
MCDLFNSKCCSGWCHLFCA (配列番号：116)

【0319】

毒素配列：

【0320】

【化117】

Cys-Leu-Asp-Ala-Gly-Xaa1-Met-Cys-Asp-Leu-Phe-Asn-Ser-Lys-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-Ile-Leu-Phe-Cys-Ala-^ (配列番号：117)

【0321】

名称：KKM4

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0322】

【化118】

GCCGAAAACATCACCAAGATGAAACTGACGAGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTT
CTTGACCGCCTGGACATTCGTCACGGCTGACGACTCCGGAAATGGATTGGAGAATC
TTTTTTCGAAGGCACATCACGAGATGAAGAACCCCAAAGACTCTAAATTGAACAAG
AGGTGCCTTGACGGTGGTGAAATTTGTGGTATTTTGTTCCAAGCTGCTGCAGTGGG
TGGTGCATTGTTCTCGTCTGCGCATGAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGT
GCTACCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCCTG
ATCCGACTCTCTGGCGGCCTCGGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCGACACACAAT
GACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (配列番号：118)

【0323】

翻訳：

【0324】

【化119】

MKLTSMIMIVAVLFLTAWTFVTADDSGNLENLFSKAHHEMKNPKDSKLNKRCLDGGE
ICGILFSPCCSGWCIVLVCA (配列番号：119)

【0325】

毒素配列：

【0326】

【化120】

Cys-Leu-Asp-Gly-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Gly-Ile-Leu-Phe-Xaa3-Ser-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-
Ile-Val-Leu-Val-Cys-Ala-^ (配列番号：120)

【0327】

名称：KKM5

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0328】

【化121】

GCTAGCACAGTGAATTTGGCTTCACAGTTTTCCACTGTCGTCTTTGGCATCATCCAA
AACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGAAGCAGAGCTGTTCTTGAC
CGCCTGGACATTTGCCACGGCTGATGACCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTC
GAAGGCACATCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGC
CCTAACACTGGTGAATTATGTGATGTGGTTGAACAAAACCTGCTGCTATACCTATTGC
TTTATTGTAGTCTGCCCTATAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCCTCTGTGCTGC
CTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCCCCTGATCCG
ACTCTCTTGCGGCCTCAGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCGACACGAAAATGAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (配列番号：121)

【0329】

翻訳：

【0330】

【化122】

MKLTMMIEAELFLTAWTFATADDPRNGLENLFSKAHHEMKNPEASKLNKRCPNTGEL
CDVVEQNCCYTYCFIVCPI (配列番号：122)

【0331】

毒素配列：

【0332】

【化123】

Cys-Xaa3-Asn-Thr-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Asp-Val-Val-Xaa1-Gln-Asn-Cys-Cys-Xaa5-Thr-Xaa5-
Cys-Phe-Ile-Val-Val-Cys-Xaa3-Ile-^ (配列番号：123)

【0333】

名称：KKM6

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0334】

【化124】

TTGCACGGTGAATTTTCGCTTATATTTTTCTACTGTCGTCTTTGGCATCATCCAAAACA
 TCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCT
 GGACATTCGTACGGCTGTGCCTCACTCCAGCGATGTATTGGAGAATCTTTATCTGA
 AGGCACTTCACGAAACGGAAAACCACGAAGCCTCTAAATTGAACGTGAGAGACGA
 CGAGTGCGAACCTCCTGGAGATTTTTGTGGCTTTTTTAAAATTGGGCCGCCTTGCTG
 CAGTGGCTGGTGCTTCCTCTGGTGCGCCTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTATTCCCCT
 CTGTGCTACCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGCCCTTCAGTGGTTATGAACCCCC
 CTGATCCGACTCTCTGGGGGCCTCGGGGGTTCAACATCCAAATAAAGCTGACAACA
 CAATAAAAAAAAAA (配列番号：124)

【0335】

翻訳：

【0336】

【化125】

MKLTCMMIVAVLFLTAWTFVTAVPHSSDVLENLYLKALHETENHEASKLNVRDDECEP
 PGDFCGFFKIGPPCCSGWCFLWCA (配列番号：125)

【0337】

毒素配列：

【0338】

【化126】

Asp-Asp-Xaa1-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asp-Phe-Cys-Gly-Phe-Phe-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-
 Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ala-^ (配列番号：126)

【0339】

名称：C. striatus S2

種：striatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0340】

【化127】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCGATGCATTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACTT
 CACGAAACGGAAAACCACGAAGCCTCTAAATTGAACGTGAGAGACGACGAGTGCG
 AACCTCCTGGAGATTTTTGTGGCTTTTTTAAAATTGGGCCGCCTTGCTGCAGTGGCT
 GGTGCTTCCTCTGGTGCGCATAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC

(配列番号：127)

【0341】

翻訳：

【0342】

【化128】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFVTA VPHSSDALENLYLKALHETENHEASKLNVRDDECEP
 PGDFCGFFKIGPPCCSGWCFLWCA (配列番号：128)

【0343】

毒素配列：

【0344】

【化129】

Asp-Asp-Xaa1-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asp-Phe-Cys-Gly-Phe-Phe-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-
 Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ala-^ (配列番号：129)

【0345】

名称：Om6.5

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0346】

【化130】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCAATGCATTGGAAAATCTTTATCTGAAGGCACGT
 CACGAAATGGAAAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACACGAGAGACGACGATTGCG
 AACCTCCTGGAAATTTTTGTGGCATGATAAAAATTGGGCCGCCTTGCTGCAGTGGCT
 GGTGCTTTTTTCGCCTGCGCCTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC

(配列番号：130)

【0347】

翻訳：

【0348】

【化131】

MKLTTCVMIVAVLFLTAWTFVTAVPHSSNALENLYLKARHEMENPEASKLNTRDDDCEP
PGNF CGMIKIGPPCCSGWCFFACA (配列番号：131)

【0349】

毒素配列：

【0350】

【化132】

Asp-Asp-Asp-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asn-Phe-Cys-Gly-Met-Ile-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-
Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Ala-Cys-Ala-^ (配列番号：132)

【0351】

名称：Au6.3

種：aulicus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0352】

【化133】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATAGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCAATGCATTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACGT
CACGAAATGGAAAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACACGAGAGACTACGATTGCGA
ACCTCCTGGAAATTTTTGTGGCATGATAAAAATTGGGCCGCCTTGCTGCAGTGGCTG
GTGCTTTTTTCGCCTGCGCCTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC
(配列番号：133)

【0353】

翻訳：

【0354】

【化134】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFVTAVPHSSNALENLYLKARHEMENPEASKLNTRDYDCEP
PGNF CGMIKIGPPCCSGWCFFACA (配列番号：134)

【0355】

毒素配列：

【0356】

【化135】

Asp-Xaa5-Asp-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asn-Phe-Cys-Gly-Met-Ile-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Ala-Cys-Ala-^ (配列番号：135)

【0357】

名称：Marm9

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0358】

【化136】

GGTCGACATCATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGTG
GCCAAACTGTAATAAATAATGCAAGTCTCTCTTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGAA
CACGAGAGACGACGATTGCGAACCTCCTGGAAATTTTTGTGGCATGATAAAAATTG
GGCCGCCTTGCTGCAGTGGCTGGTGCTTTTTCGCCTGCGCCTAAACTGCCGTGATG
TCTTCTCTTCCCCTCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGT
ACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTGTACCTAAATCAATTCACTGG
CCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACCTAATCGCC
TTGCAGCACATCCCCCTTTGCGCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGAT
CGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCTGTAGCGG
CGCATTAAGCGCGGGCGGGTGTGGTGGTTACGCCGAGCCGTGACCCGCTACACTTG
CCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTGCTTTCTTCCCTTCTCCTTTCTCGCCACGTTCGCC
GGCTTTTCCCGTCAAGCTCTAAATCGGGGGCTCCTTTAGGGTCCGATTTAAGTGCTT
TAC (配列番号：136)

【0359】

翻訳：

【0360】

【化137】

LNTRDDCEPPGNFCGMIKIGPPCCSGWCFFACA (配列番号：137)

【0361】

毒素配列：

【0362】

【化138】

Asp-Asp-Asp-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asn-Phe-Cys-Gly-Met-Ile-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Ala-Cys-Ala-^ (配列番号：138)

【0363】

名称：Rg6.4

種：regius

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0364】

【化139】

TTGAACCAGAGAGACTGCCTTAGTAAAAACGCTTTCTGTGCCTGGCCGATACTTGGA
CCACTGTGCTGCAGTGGCTGGTGCTTATACGTCTGCATGTAAACTGCCGTGATGTC
TTCTATCCCCTC (配列番号：139)

【0365】

翻訳：

【0366】

【化140】

LNQRDCLSKNAFCAWPILGPLCCSGWCLYVCM (配列番号：140)

【0367】

毒素配列：

【0368】

【化141】

Asp-Cys-Leu-Ser-Lys-Asn-Ala-Phe-Cys-Ala-Xaa4-Xaa3-Ile-Leu-Gly-Xaa3-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Leu-Xaa5-Val-Cys-Met-^ (配列番号：141)

【0369】

名称：R6.5

種：radiatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0370】

【化142】

ATTGAACAAGAAAGGTGATGACTGCCTTGCTGTTAAAAAAATTGTGGCTTTCCAA
AACTTGGAGGGCCATGCTGCAGTGGCTTGTGCTTTTTCGTCTGCGCCTAAACTGCC
GTGATGTCTTCTCCTCCCCT (配列番号：142)

【0371】

翻訳：

【0372】

【化143】

LNKKGDDCLAVKKNCGFPKLGGPCCSGLCFFVCA (配列番号：143)

【0373】

毒素配列：

【0374】

【化144】

Gly-Asp-Asp-Cys-Leu-Ala-Val-Lys-Lys-Asn-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Leu-Gly-Gly-Xaa3-Cys-
Cys-Ser-Gly-Leu-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Ala-^ (配列番号：144)

【0375】

名称：Rg6.2

種：regius

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0376】

【化145】

TTGAATCAGAGCGACTGCCTTCCTAGAGACACATTCTGTGCCTTGCCGCAACTTGGA
CTACTGTGCTGCAGTGGCCGGTGCTTACTCTTCTGCGTGTAAACTGCCGTGATGTC
TTCTCCTCCCCTC (配列番号：145)

【0377】

翻訳：

【0378】

【化146】

LNQSDCLPRDTFCALPQLGLLCCSGRCLLFCV (配列番号：146)

【0379】

毒素配列：

【0380】

【化147】

Asp-Cys-Leu-Xaa3-Arg-Asp-Thr-Phe-Cys-Ala-Leu-Xaa3-Gln-Leu-Gly-Leu-Leu-Cys-Cys-Ser-
Gly-Arg-Cys-Leu-Leu-Phe-Cys-Val-^ (配列番号：147)

【0381】

名称：A6.5

種：aurisiacus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0382】

【化148】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGACCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGACTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCA
TGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGGGTGCTCTAATG
CTGGTGCATTTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGATTTGCATTGTTT
GGTGCACATGAGTCGTATTCTGCTGGTACATTTTGTGGCTTCAACGGAGGACTCTGC
TGCAGCAACCTTTGCTTATTTTCGTGTGCTTAAACATATTCGTGATGTCTTCTACTCC
CATC (配列番号：148)

【0383】

翻訳：

【0384】

【化149】

MKLTVCVMTVAVLFLTAWTFVTADDSRNLKLNLPKARHEMKNPEASKLNKRDGCSNA
GAFCGIHPGLCCSEICIVWCT (配列番号：149)

【0385】

毒素配列：

【0386】

【化150】

Asp-Gly-Cys-Ser-Asn-Ala-Gly-Ala-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Ile-
Cys-Ile-Val-Xaa4-Cys-Thr-^ (配列番号：150)

【0387】

名称： -PVIA

種： purpurascens

単離： はい

クローニング： はい

DNA配列：

【0388】

【化151】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACTGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAAAAATGGACTGGAGAATCATTGGAAGGCACGTGA
CGAAATGAAGAACC CGAAGCCTCTAAATTGGACAAAAAGGAAGCCTGCTATGCGC
CTGGTACTTTTTGTGGCATAAAGCCCGGGCTATGCTGCAGTGAGTTTTGTCTCCCGG
GCGTCTGCTTCGGTGGTTAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTACCTGG
CTTGATCTTTGATCGGCGTGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCACTGATCTTACCTCT
CTTGAAGGACCTCTGGGGTCCAGCATCCAAATAAGCGACATCCCAATGAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAA (配列番号：151)

【0389】

翻訳：

【0390】

【化152】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFVTADDSKNGLENHFWKARDEMKNREASKLDKKEACYA
PGTFCGIKPLCCSEFCLPGVCFGG (配列番号 : 152)

【0391】

毒素配列 :

【0392】

【化153】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Ala-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Xaa1-Phe-Cys-Leu-Xaa3-Gly-Val-Cys-Phe-Gly-# (配列番号 : 153)

【0393】

名称 : -PVIA-OH

種 : purpurascens

単離 : はい

毒素配列 :

【0394】

【化154】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Ala-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Xaa1-Phe-Cys-Leu-Xaa3-Gly-Val-Cys-Phe-Gly-^ (配列番号 : 153)

【0395】

名称 : -PVIA [F9A]

種 : purpurascens

毒素配列 :

【0396】

【化155】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Ala-Xaa3-Gly-Thr-Ala-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Xaa1-Phe-Cys-Leu-Xaa3-Gly-Val-Cys-Phe-Gly-^ (配列番号 : 154)

【0397】

名称 : -PVIA [I12A]

種 : purpurascens

単離 :

毒素配列：

【0398】

【化156】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Ala-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ala-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Phe-Cys-Leu-Xaa3-Gly-Val-Cys-Phe-Gly-^ (配列番号：155)

【0399】

名称： -PVIA [T8A]

種：purpurascens

毒素配列：

【0400】

【化157】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Ala-Xaa3-Gly-Ala-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Phe-Cys-Leu-Xaa3-Gly-Val-Cys-Phe-Gly-^ (配列番号：156)

【0401】

名称：M6.3

種：magus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0402】

【化158】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGATTGAAGAATCTTTTCCGAAGGCACGTCAT
GAAATGAAGAACCCTGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGGGTGCTATAATGC
TGGTACATTTTGTGGCATCCGTCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTGTCTTTTATGG
TGCATAACATTTGTTGATTCTGGCTAACAGTGTGCGTTGGTTAGTGTCTTCTCCTCCC
CTC (配列番号：157)

【0403】

翻訳：

【0404】

【化159】

MKLTCVMIVAVLFLTTWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKRDGCYNA
GTFCGIRPGLCCSEFCFLWCITFVDSG(配列番号：158)

【0405】

毒素配列：

【0406】

【化160】

Asp-Gly-Cys-Xaa5-Asn-Ala-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Arg-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Phe-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Val-Asp-Ser-#(配列番号：159)

【0407】

名称：M6.6

種：magus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0408】

【化161】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGATTGAAGAATCTTTTCCGAAGGCACGTCAT
GAAATGAAGAACCCTGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGAATGCTATCCTCC
TGGTACATTTTGTGGCATCAAACCAGGACTTTGCTGCAGCGCGATATGCTTATCGTT
TGCTGCATATCATTGATTTTGTGATTGATGCTTCTCCTCCCTC(配列番号：160)

【0409】

翻訳：

【0410】

【化162】

MKLTCVMIVAVLFLTTWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKRDECYPP
GTFCGIKPLCCSAICLSFVCISFDF(配列番号：161)

【0411】

毒素配列：

【0412】

【化163】

Asp-Xaa1-Cys-Xaa5-Xaa3-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Ala-Ile-Cys-Leu-Ser-Phe-Val-Cys-Ile-Ser-Phe-Asp-Phe-^ (配列番号：162)

【0413】

名称：M6.7

種：magus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0414】

【化164】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTACTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGACTGAAGGATCTGTTTCCGAAGGAACGTCA
TGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACCAGAGAGAAGCCTGCTATAATG
CTGGTTCATTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTTGCATTCTTTG
GTGCATAACATTTGTTGATTCTGGCTAACTGTGTGCGTTGGTTGATGTCTTCTCCTCC
CATC (配列番号：163)

【0415】

翻訳：

【0416】

【化165】

MKLT CVMIVAVLFLTAWTFVTADDSRYGLKDLFPKERHEMKNPEASKLNQREACYNA
GSFCGIHPGLCCSEFCILWCITFVDSG (配列番号：164)

【0417】

毒素配列：

【0418】

【化166】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Asn-Ala-Gly-Ser-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Phe-Cys-Ile-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Val-Asp-Ser-# (配列番号：165)

【0419】

名称：M6.8

種：magus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0420】

【化167】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTACTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGACTGAAGGATCTGTTTCCGAAGGAACGTCA
TGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACCAGAGAGAAGCCTGCTATAATG
CTGGTACATTTTGTGGCATCAAACCAGGACTTTGCTGCAGCGCGATATGCTTATCGT
TTGTCTGCATATCATTTGATTTTGGATTGATGTCCTTCTCCTCCCCTC

(配列番号：166)

【0421】

翻訳：

【0422】

【化168】

MKLTCMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRYGLKDLFPKERHEMKNPEASKLNQREACYNA
GTFCGIKPLCCSAICLSFVCISFDF(配列番号：167)

【0423】

毒素配列：

【0424】

【化169】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Asn-Ala-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Ala-
Ile-Cys-Leu-Ser-Phe-Val-Cys-Ile-Ser-Phe-Asp-Phe-(配列番号：168)

【0425】

名称：E6.4

種：ermine

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0426】

【化170】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACTGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAAAAATGGACTGGAGAATCATTTTTGGAAGGCACGTGA
CGAAATGAAGAACCGCGAAGCCTCTAAATTGGACAAAAAGGAAGCCTGCTATCCGC
CTGGTACTTTTTGTGGCATAAAGCCCGGGCTATGCTGCAGTGAGTTGTGTTTACCGG
CCGTCTGCGTCCGGTGGTAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC
(配列番号：169)

【0427】

翻訳：

【0428】

【化171】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFVTADDSKNGLENHFWKARDEMKNREASKLDDKKEACYP
PGTFCGIKPLCCSELCLPAVCVGG (配列番号：170)

【0429】

毒素配列：

【0430】

【化172】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Xaa3-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Xaa1-Leu-Cys-Leu-Xaa3-Ala-Val-Cys-Val-Gly-# (配列番号：171)

【0431】

名称：P6.4

種：purpurascens

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0432】

【化173】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACTGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGATGACTCCAAAAATGGACTGGAGAATCATTTTTGGAAGGCACGTGA
 CGAAATGAAGAACCGCGAAGCCTCTAAATTGGACAAAAAGGAAGCCTGCTATCCGC
 CTGGTACTTTTTGTGGCATAAAGCCCGGGCTATGCTGCAGTGAGTTGTGTTTACCGG
 CCGTCTGCGTCCGGTGGTTAACTGCCGIGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：172)

【0433】

翻訳：

【0434】

【化174】

MKLT CMMIVAVLFLTA WTFVTADDSKNGLENHFWKARDEMKNREASKL DKKEACYP
 PGTF CGIKPGLCCSELCLPAVCVGG (配列番号：173)

【0435】

毒素配列：

【0436】

【化175】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Xaa3-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
 Xaa1-Leu-Cys-Leu-Xaa3-Ala-Val-Cys-Val-Gly-# (配列番号：174)

【0437】

名称： -SVIE [D1E]

種：striatus

単離：はい

クローニング：はい

DNA配列：

【0438】

【化176】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACTTGGACATTC
 GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGATTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCAT
 GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGAAGGGTGCTCTAGTG
 GTGGTACATTTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTGTCTTTCTTTG
 GTGCATAACATTTATTGATTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：175)

【0439】

翻訳：

【0440】

【化177】

MKLTTCVMIVAVLFLTTWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKREGCSSG
GTFCGIHPGLCCSEFCFLWCITFID (配列番号：176)

【0441】

毒素配列：

【0442】

【化178】

Xaa1-Gly-Cys-Ser-Ser-Gly-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Phe-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Ile-Asp-^ (配列番号：177)

【0443】

名称： -SVIE

種：striatus

単離：はい

クローニング：はい

DNA配列：

【0444】

【化179】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACTTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGATTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCAT
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGGGTGCTCTAGTGG
TGGTACATTTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTTGCTTTCTTTGG
TGCATAACATTTATTGATTGATGTCTTCTCCTCCCTC (配列番号：178)

【0445】

翻訳：

【0446】

【化180】

MKLTTCVMIVAVLFLTTWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKRDGCSSG
GTFCGIHPGLCCSEFCFLWCITFID (配列番号：179)

【0447】

毒素配列：

【0448】

【化181】

Asp-Gly-Cys-Ser-Ser-Gly-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Phe-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Ile-Asp-^ (配列番号：180)

【0449】

名称：-NgVIA

種：striolatus

単離：はい

毒素配列：

【0450】

【化182】

Ser-Lys-Cys-Phe-Ser-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Val-Arg-Cys-Phe-Ser-Leu-Phe-Cys-Ile-Ser-Phe-Xaa1-^ (配列番号：181)

【0451】

名称：06.2

種：catus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0452】

【化183】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGACTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCA
TGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGATATGGGTGCTCTAATG
CTGGTGCATTTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGCTTTGCCTGGTTT
GGTGCACATGAGTGCTATTCTTCTGGTACATTTTGTGGCTTCAACGGAGGACTCTGC
TGCAGCAACCTTTGCTTATTTTCGTGTGCTTAACATTTTCGTGATGTCTTCTATTCC
CCTC (配列番号：182)

【0453】

翻訳：

【0454】

【化184】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRNLKLNLFKARHEMKNPEASKLNKRYGCSNA
GAFCGIHPGLCCSELCLVWCT (配列番号：183)

【0455】

毒素配列：

【0456】

【化185】

Xaa5-Gly-Cys-Ser-Asn-Ala-Gly-Ala-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Leu-Cys-Leu-Val-Xaa4-Cys-Thr-^ (配列番号：184)

【0457】

名称：06.3

種：catus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0458】

【化186】

ATGAAACTGACGTGTATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGACTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCAT
GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGATATGGGTGCTCTAATGC
TGGTGCAATTTGTGGCATCCATCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGCTTTGCCTGGGTTG
GTGCACATGAGTGCTATTCTACTGGTACATTTTGTGGCTTCAACGGAGGACTCTGCT
GCAGCAACCTTTGCTTATTTTCGTGTGCTTAACATTCGTGATGTCTTCTCTATTCCTC
CTC (配列番号：185)

【0459】

翻訳：

【0460】

【化187】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKRYGCSNA
GAFCGIHPGLCCSELCLGWCT (配列番号 : 186)

【0461】

毒素配列 :

【0462】

【化188】

Xaa5-Gly-Cys-Ser-Asn-Ala-Gly-Ala-Phe-Cys-Gly-Ile-His-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Leu-Cys-Leu-Gly-Xaa4-Cys-Thr-^ (配列番号 : 187)

【0463】

名称 : Di6.3

種 : distans

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0464】

【化189】

ATGAAACTGACGTGTCTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTCTCTCCGAAGGCACCTCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATCGAACAAGAGATATGAGTGCTATCTAC
TGGTACATTTTTGTGGCATCAACGGAGGACTCTGCTGCAGCAACCTTTGCTTATTTTT
CGTGTGCTAACATTTTCGTGATGTCTTCTCCTCCCATC (配列番号 : 188)

【0465】

翻訳 :

【0466】

【化190】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFVTADDSRNGLENLSPKAPHEMKNPEASKSNKRYECYLLV
HFCGINGGLCCSNLCLFFVCLTFS (配列番号 : 189)

【0467】

毒素配列 :

【0468】

【化191】

Xaa5-Xaa1-Cys-Xaa5-Leu-Leu-Val-His-Phe-Cys-Gly-Ile-Asn-Gly-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Asn-Leu-Cys-Leu-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-Thr-Phe-Ser-^ (配列番号 : 190)

【0469】

名称 : Rg6.1

種 : regius

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0470】

【化192】

TTGAGCAAGAGAGACTGCCTTCCTGACTACACGATTTGTGCCTTCAATATGGGTCTG
TGCTGCAGCGACAAGTGCATGCTCGTCTGCCTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC
(配列番号 : 191)

【0471】

翻訳 :

【0472】

【化193】

LSKRDCCLPDYTICAFNMGLCCSDKCMLVCLP (配列番号 : 192)

【0473】

毒素配列 :

【0474】

【化194】

Asp-Cys-Leu-Xaa3-Asp-Xaa5-Thr-Ile-Cys-Ala-Phe-Asn-Met-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Asp-Lys-Cys-Met-Leu-Val-Cys-Leu-Xaa3-^ (配列番号 : 193)

【0475】

名称 : Rg6.3

種 : regius

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0476】

【化195】

TTGAACAAGAGAATCATCTGCTTTCCTGACTACATGTTTTGIGGCGTCAATGTGTTTC
TGTGCTGCAGTGGCAACTGCCTTCTCATCTGCGTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC
(配列番号：194)

【0477】

翻訳：

【0478】

【化196】

LNKRIICFPDYMFCGVNVFLCCSGNCLLICVP (配列番号：195)

【0479】

毒素配列：

【0480】

【化197】

Ile-Ile-Cys-Phe-Xaa3-Asp-Xaa5-Met-Phe-Cys-Gly-Val-Asn-Val-Phe-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-
Asn-Cys-Leu-Leu-Ile-Cys-Val-Xaa3-^ (配列番号：196)

【0481】

名称：Gm6.2

種：gloriamaris

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0482】

【化198】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCAATGCGTTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACAT
 CATGAAATGAACAACCCCGAAGACTCTGAATTGAACAAGAGGTGCTATGATGGTGG
 GACAGGTTGTGACTCTGGAAACCAATGCTGCAGTGGCTGGTGCATTTTCGCCTGCCT
 CTA AAAACTGTCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：197)

【0483】

翻訳：

【0484】

【化199】

MKLT CMMIVAVLFLTAWTFVTA VPHSSNALENLYLKAHHEMNNPEDSELNKRCYDGG
 TGCD SGNQCCSGWCIFACL (配列番号：198)

【0485】

毒素配列：

【0486】

【化200】

Cys-Xaa5-Asp-Gly-Gly-Thr-Gly-Cys-Asp-Ser-Gly-Asn-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-
 Phe-Ala-Cys-Leu-^ (配列番号：199)

【0487】

名称：Da6.1

種：dalli

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0488】

【化201】

ATGAAACTGACGTGCATTATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCAATGCGTTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACAT
 CATGAAATGAACAACCCCGAGGACTCTGAATTGAACAAGAGGTGCTATGATGGTGG
 GACAGGTTGTGACTCTGGAAACCAATGCTGCAGTGGCTGGTGCATTTTCGTCTGCCT
 CTA AAAACTGCCGTGATGTCTTCTCTCCATC (配列番号：200)

【0489】

翻訳：

【0490】

【化202】

MKLTICIMIVAVLFLTAWTFVTA VPHSSNALENLYLKAHHEMNNPEDSELNKRCYDGGT
GCDSGNQCCSGWCIFVCL (配列番号：201)

【0491】

毒素配列：

【0492】

【化203】

Cys-Xaa5-Asp-Gly-Gly-Thr-Gly-Cys-Asp-Ser-Gly-Asn-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-
Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：202)

【0493】

名称：Pn6.6

種：pennaceus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0494】

【化204】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACAGTC
GTCACGGCTGTGCCTCACTCCAACAAGCGGTTGGCGAATCTTTATCTGAAGGCACGT
CACGAAATGAAAAACCCCGAAGCCTCTAATGTGGACAAGAGGTGCTTTGAGAGTTG
GGTAGCTTGTGAGTCTCCAAAACGATGCTGCAGTCACGTGTGCCTTTTCGTCTGCAC
CTGAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCTC (配列番号：203)

【0495】

翻訳：

【0496】

【化205】

MKLTICVMIVAVLFLTAWTVVTA VPHSNKRLANLYLKARHEMKNPEASNVDKRCFESW
VACESPKRCCSHVCLFVCT (配列番号：204)

【0497】

毒素配列：

【0498】

【化206】

Cys-Phe-Xaa1-Ser-Xaa4-Val-Ala-Cys-Xaa1-Ser-Xaa3-Lys-Arg-Cys-Cys-Ser-His-Val-Cys-Leu-Phe-Val-Cys-Thr-^(配列番号：205)

【0499】

名称：Di6.5

種：distans

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0500】

【化207】

ATGAAACTGACGTGTATGTTGATCATCGCTGTGCTGTTTCCTGACGGCCTGTCAACTC
TCTACAAATGCGAGTTACGCCAGAAGTAAGCAGAAGCATCGTGTTCTGAGGTCGAC
TGACAAAACTCCAAGTTGACCCAGCGTTGCAATGAAGCTCAAGAACATTGCACTC
AAAATCCTGACTGCTGCAGTGAGTCTTGCAATAAGTTTGTGCGGCAGATGCTTGTCAG
ACTGATCTGATGTCTTCTCCTCCCATC (配列番号：206)

【0501】

翻訳：

【0502】

【化208】

MKLTCLIIAVLFLTACQLSTNASYARSKQKHRVLRSTDKNSKLTQRCNEAQEHCTQN
PDCCSESCNKFVGRCLSD (配列番号：207)

【0503】

毒素配列：

【0504】

【化209】

Cys-Asn-Xaa1-Ala-Gln-Xaa1-His-Cys-Thr-Gln-Asn-Xaa3-Asp-Cys-Cys-Ser-Xaa1-Ser-Cys-Asn-Lys-Phe-Val-Gly-Arg-Cys-Leu-Ser-Asp-^ (配列番号 : 208)

【0505】

名称 : Af6.10

種 : ammiralis

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0506】

【化210】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGTGCCTGACTCCAGCAATGCGTTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACAT
CATGAAATGAACAACCCCGAAGACTCTGAATTGAACAAGAGGTGCTATGATGGTGG
GACAAAGTTGTAACACTGGAAACCAATGCTGCAGTGGCTGGTGCATTTTCCTCTGCCT
CTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCTTCCCCTC (配列番号 : 209)

【0507】

翻訳 :

【0508】

【化211】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFVTAVPDSSNALENLYLKAHHEMNNPEDSELNKRCYDGG
TSCNTGNQCCSGWCIFLCL (配列番号 : 210)

【0509】

毒素配列 :

【0510】

【化212】

Cys-Xaa5-Asp-Gly-Gly-Thr-Ser-Cys-Asn-Thr-Gly-Asn-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-Phe-Leu-Cys-Leu-^ (配列番号 : 211)

【0511】

名称 : Tx6.10

種 : textile

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0512】

【化213】

GGCATTACCTAAAACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGT
GCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTCGTCACGGCTGCGCCTCACTCCAGCAATGCGTT
GGAGAATCTTTATCTGAAGGCACATCATGAAATGAACAACCCCGAAGCCTCTGAAT
TGAACAAGAGGTGCTATGATAGTGGGACAAGTTGTAACACTGGAAACCAATGCTGC
AGTGGCTGGTGCATTTTCGTCTCTTGCCTCTAAAACACTACCGTGATGTCTTCTCCTCCC
CTC(配列番号：212)

【0513】

翻訳：

【0514】

【化214】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTAAPHSSNALENLYLKAHHEMNNPEASELNKRCYDSG
TSCNTGNQCCSGWCIFVSCL(配列番号：213)

【0515】

毒素配列：

【0516】

【化215】

Cys-Xaa5-Asp-Ser-Gly-Thr-Ser-Cys-Asn-Thr-Gly-Asn-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-
Phe-Val-Ser-Cys-Leu^(配列番号：214)

【0517】

名称：Gm6.4

種：gloriamaris

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0518】

【化216】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTGACAGCCTGGACGCTA
 GTCATGGCTGATGACTCCAACAATGGACTGGCGAATCTTTTTTCGAAATCACGTGAC
 GAAATGGAGGACCCCGAAGCTTCTAAATTGGAGAAAAGGGATTGCCAAGCACTATG
 GGATTATTGTCCAGTACCGCTCTTGTCATCGGGTGATTGCTGCTATGGCTTAATCTGT
 GGCCCTTTCGTCTGCATTGGATGGTGATGCTTCTACTCCCATC(配列番号：215)

【0519】

翻訳：

【0520】

【化217】

MKLTMMIVAVLFLTAWTLVMADDSNNGLANLFSKSRDEMEDPEASKLEKRDCQAL
 WDYCPVPLLSSGDCCYGLICGPFVCIGW(配列番号：216)

【0521】

毒素配列：

【0522】

【化218】

Asp-Cys-Gln-Ala-Leu-Xaa4-Asp-Xaa5-Cys-Xaa3-Val-Xaa3-Leu-Leu-Ser-Ser-Gly-Asp-Cys-
 Cys-Xaa5-Gly-Leu-Ile-Cys-Gly-Xaa3-Phe-Val-Cys-Ile-Gly-Xaa4-[^](配列番号：217)

【0523】

名称：Om6.2

種：omaria

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0524】

【化219】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCATGGCTGATGACTCCAACAATGGACTGGCAAATCTTTTCTCGAAATCACGTGAC
 GAAATGGAGGATAACCGATCCTTCTAAATTGGAGAACAGAAAACTGCCAAAGAAG
 GTGGGATTTTTGTCCAGGATCGCTCGTTGGAGTGATAACTTGCTGCGGTGGCTTAAT
 CTGTTTTCTGTTCTTCTGCGTTTGATAGTGATGCTCTTCTCCTCCCT
 (配列番号：218)

【0525】

翻訳：

【0526】

【化220】

MKLTCLMIVAVLFLTAWTFVMADDSNGLANLFSKSRDEMEDTDPSKLENRKTCQRR
WDFCPGSLVGVITCCGGLICFLFFCV(配列番号：219)

【0527】

毒素配列：

【0528】

【化221】

Lys-Thr-Cys-Gln-Arg-Arg-Xaa4-Asp-Phe-Cys-Xaa3-Gly-Ser-Leu-Val-Gly-Val-Ile-Thr-Cys-
Cys-Gly-Gly-Leu-Ile-Cys-Phe-Leu-Phe-Phe-Cys-Val^(配列番号：220)

【0529】

名称：Da6.3

種：dalli

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0530】

【化222】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCCCTGACAGCCTGGACGCTA
GTCATGGCTGATGACTCCAACAATGGACTGGCGAATCTTTTTTCGAAATTACGTGAC
GAAATGGAGGACCCCGAAGGTTCTAAATTGGAGAAAAAGGATTGCCAAGAAAAAT
GGGATTATTGTCCAGTACCGTTCTTGGGATCGAGGTATTGCTGCGATGGCTTTATCT
GTCCATCTTCTTCTGCGCTTGATAGTGATGTCTTCTCTATTCCCCTC
(配列番号：221)

【0531】

翻訳：

【0532】

【化223】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTLVMADDSNNGLANLFSKLRDEMEDPEGSKLEKKDCQEK
WDYCPVPFLGSRVCCDGFICPSFFCA (配列番号 : 2 2 2)

【0533】

毒素配列 :

【0534】

【化224】

Asp-Cys-Gln-Xaa1-Lys-Xaa4-Asp-Xaa5-Cys-Xaa3-Val-Xaa3-Phe-Leu-Gly-Ser-Arg-Xaa5-Cys-
Cys-Asp-Gly-Phe-Ile-Cys-Xaa3-Ser-Phe-Phe-Cys-Ala-^ (配列番号 : 2 2 3)

【0535】

名称 : Da6.7

種 : dalli

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0536】

【化225】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGTTGTTCCCTGACAGCCTGGACGCTA
GTCATGGCTGATGACTCCAACAATGGACTGGCGAATCATTGTTGGAAATCACGTGAC
GAAATGGAGGACCCTGAAGCTTCTAAATTGGAGAAAAGGGATTGCCAAGGCGAATG
GGAGTTTTGTATAGTACCGGTCCTTGGATTTGTGTATTGCTGCCCTGGCTTATCTGT
GGCCCTTTCGTCTGCGTTGATATCTGATGTCTTCTATCCCCTC (配列番号 : 2 2 4)

【0537】

翻訳 :

【0538】

【化226】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTLVMADDSNNGLANHFWKSRDEMEDPEASKLEKRDCQGE
WEFCIVPVLGFVYCCPWLICPFVCVDI (配列番号 : 2 2 5)

【0539】

毒素配列 :

【0540】

【化227】

Asp-Cys-Gln-Gly-Xaa1-Xaa4-Xaa1-Phe-Cys-Ile-Val-Xaa3-Val-Leu-Gly-Phe-Val-Xaa5-Cys-Cys-Xaa3-Xaa4-Leu-Ile-Cys-Gly-Xaa3-Phe-Val-Cys-Val-Asp-Ile-^ (配列番号：226)

【0541】

名称：Pn6.5

種：pennaceus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0542】

【化228】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCATTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCATGGCTGATGACCCAGAGATGAACCGGAGGCACGTGACGAAATGAACCCCGC
AGCCTCTAAATTGAACGAGAGAGGCTGCCTTGAAGTTGATTATTTTTCGCGCATAACC
GTTTGTGAACAACGGGCTATGCTGCAGTGGCAATTGTGTTTTTGTCTGCACACCCCA
AGGGAAGTAAAACCTGCTGTGATGTCTTCTTCCCATC (配列番号：227)

【0543】

翻訳：

【0544】

【化229】

MKLTCLMIIAVLFLTAWTFVMADDPRDEPEARDEMNPAAASKLNERGCLEVDYFCGIPF
VNNGLCSSGNCVFCVCTPQGK (配列番号：228)

【0545】

毒素配列：

【0546】

【化230】

Gly-Cys-Leu-Xaa1-Val-Asp-Xaa5-Phe-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Phe-Val-Asn-Asn-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-Asn-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Thr-Xaa3-Gln-# (配列番号：229)

【0547】

名称：Marm6

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0548】

【化231】

GGTCGACATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCTGTCCATCCATCCATTCAT
TCATTCACTGCCAACTGTCATAAATATTTGAGTCTCTCTTTCTGTTTTATCTGACA
GATTGAACGAGAGAGACTGCCTTAATGTTGATTATTTTTGCGGCATACCGTTTGTGA
ACAACGGGCTATGCTGCAGTGGCAATTGTGTTTTGTCTGCACACCCCAAGGGAAGT
AAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCTTCCCCTCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAG
GATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTGTCACCTA
AATCAATTCACTGGCCGTCCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCCTGGCGTT
ACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACAT (配列番号：230)

【0549】

翻訳：

【0550】

【化232】

NERDCLNVDYFCGIPFVNGLCCSGNCVVFVCTPQGK (配列番号：231)

【0551】

毒素配列：

【0552】

【化233】

Cys-Leu-Asn-Val-Asp-Xaa5-Phe-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Phe-Val-Asn-Asn-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Gly-Asn-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Thr-Xaa3-Gln-# (配列番号：232)

【0553】

名称：Marm15

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0554】

【化234】

TCGACATCATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCATTCGCTGCCAA
 ACTGTCATAAAATATTTGAGTCTCTCTTTCTGTTTTTATCTGACAGATTGGACAAGAGA
 GAGTGCCTGGAAGCTGATTATTATTGCGTCTTACCGTTTGTGGGCAACGGGATGTGC
 TGCAGTGGCATTGTGTTTTGTCTGCATAGCCC (配列番号：233)

【0555】

翻訳：

【0556】

【化235】

LDKRECLEADYYCVLPFVGNGMCCSGICVFVCIAQRFKTV (配列番号：234)

【0557】

毒素配列：

【0558】

【化236】

Xaa1-Cys-Leu-Xaa1-Ala-Asp-Xaa5-Xaa5-Cys-Val-Leu-Xaa3-Phe-Val-Gly-Asn-Gly-Met-Cys-
 Cys-Ser-Gly-Ile-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Ile-Ala-Gln-Arg-Phe-Lys-Thr-Val-^
 (配列番号：235)

【0559】

名称：Marm10

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0560】

【化237】

GTACCGGTCCGGAATTCCCAGGGTCGACATCATCATCGATCCATCTGTCCATCCA
 TCCATCCATTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTCATAAACATTTGAGTCTCTTTCTG
 TTTTATCTGACAGATTGAACGAGAGAGACTGCCTTGAACCTGATTATGTTTGCGGC
 ATACCGTTTGTGTTCAACGGGCTATGCTGCAGTGGAATTTGTGTTTTATCTGCATAG
 CCCAAAAGTATTAACGCGCGTGATGTCTTCTATCCCATCTAGTAGTAGTAGGCGG
 CCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTAT
 AGTGTACCTAAATTCAATCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAA
 CCCTGGCGTTACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCG
 TAATAGCCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAAT
 GGCGAATGGGG (配列番号 : 236)

【0561】

翻訳 :

【0562】

【化238】

LNERDCLEPDYVCGIPFVFNGLCCSGICVFICIAQKY (配列番号 : 237)

【0563】

毒素配列 :

【0564】

【化239】

Asp-Cys-Leu-Xaa1-Xaa3-Asp-Xaa5-Val-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Phe-Val-Phe-Asn-Gly-Leu-Cys-
 Cys-Ser-Gly-Ile-Cys-Val-Phe-Ile-Cys-Ile-Ala-Gln-Lys-Xaa5-^ (配列番号 : 238)

【0565】

名称 : Marm14

種 : marmoreus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0566】

【化240】

GGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCCGGGTCGACATCATCATCATCGA
 TCCATCTGTCCATCCATCTATTCAATTCATTTCGCTGTCAAACGTGAATACATATTAGAA
 TCTCTCTTTCTGTTTGTATCTGACAGATTGGAGAAAAGGGCGTGCAGCAAAAAATGG
 GAATATTGTATAGTACCGATCCTTGGATTCGTATATTGCTGCCCTGGCTTAATCTGTG
 GTCCTTTCGTCTGCGTTTGATAGTGATGTCTTCTCCTCCCATCTAGTAGTAGTAGGCG
 GCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTA
 TAGTGTCACCTAAATTCAATTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAA
 ACCCTGGCGTTACCCAACCTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGC
 GTAATAAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAA
 TGGCGAAATGGGACGCGCCCTG (配列番号 : 239)

【0567】

翻訳 :

【0568】

【化241】

LEKRACSKKWEYCIVPILGFVYCCPGLICGPFVCV (配列番号 : 240)

【0569】

毒素配列 :

【0570】

【化242】

Ala-Cys-Ser-Lys-Lys-Xaa4-Xaa1-Xaa5-Cys-Ile-Val-Xaa3-Ile-Leu-Gly-Phe-Val-Xaa5-Cys-Cys-
 Xaa3-Gly-Leu-Ile-Cys-Gly-Xaa3-Phe-Val-Cys-Val-^ (配列番号 : 241)

【0571】

名称 : Omaria14

種 : omaria

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0572】

【化243】

AAAGCCGGTACGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCCGGGTCGACATCATCATCA
 TCATCGATCCATCTGTCCATCCATCCATTCATTCACTGCCAACTGTCATAAAT
 ATTTGAGTCTCTCTTTCTGTTTTTATCTGACAGATTGAACGAGAGAGACTGCCTTAAT
 GTTGATTATTTTTGTGGCATAACCGTTTGTGAACAACGGGCTATGCTGCAGTGGCAAT
 TGTGTTTTTTGTCTGCACACCCCAAGGGAAGTAAACTGCCGTGATGTCTTCTCTTCC
 CCTCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTCTAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCAT
 GCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTGTACCTAAATTCAATTCAGTGGCCGTCGTTTTA
 CAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGGCGTTACCCAACTTAATCGCCTTGCAGCACAT
 CCCCTTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCCA
 ACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGGACGCGCCCT (配列番号 : 2 4 2)

【0573】

翻訳 :

【0574】

【化244】

LNERDCLNVDYFCGIPFVNNGLCSSGNCVFCLHTPREVKLP (配列番号 : 2 4 3)

【0575】

毒素配列 :

【0576】

【化245】

Asp-Cys-Leu-Asn-Val-Asp-Xaa5-Phe-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Phe-Val-Asn-Asn-Gly-Leu-Cys-Cys-
 Ser-Gly-Asn-Cys-Val-Phe-Cys-Leu-His-Thr-Xaa3-Arg-Xaa1-Val-Lys-Leu-Xaa3-^
 (配列番号 : 2 4 4)

【0577】

名称 : 06.4

種 : obscurus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0578】

【化246】

cgatccatctgtccatccatccattcattcattcattgccaaactgtaacaaatattcaagtctctctttctgtttgtgtctgacagATCGAAA
 CGGTGCCTTGTTTACGGTACACCTTGTGACTGGCTGACCATTGCGGGTATGGAGTGC
 TGCAGTAAAAAGTGCTTTATGATGTGCTGGTAAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCC
 CCTC (配列番号 : 245)

【0579】

翻訳 :

【0580】

【化247】

RSKRCLVYGTPCDWLTLAGMECCSKKCFMMCW (配列番号 : 246)

【0581】

毒素配列 :

【0582】

【化248】

Cys-Leu-Val-Xaa5-Gly-Thr-Xaa3-Cys-Asp-Xaa4-Leu-Thr-Ile-Ala-Gly-Met-Xaa1-Cys-Cys-Ser-
 Lys-Lys-Cys-Phe-Met-Met-Cys-Xaa4-^ (配列番号 : 247)

【0583】

名称 : R6.4

種 : radiatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0584】

【化249】

ATTGAACCAGAGAGACTGCCATGAAGTTGGTGAATTTTGTGGCTTACCGTTAATAAA
 GAACGGGCTATGCTGCAGTCAGATTTGTTTAGGTGTCTGCGCAAAGTGTTTTAAAA
 CTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCAT (配列番号 : 248)

【0585】

翻訳 :

【0586】

【化250】

LNQRDCHEVGEFCGLPLIKNGLCCSQICLGVCAKVF (配列番号 : 249)

【0587】

毒素配列 :

【0588】

【化251】

Asp-Cys-His-Xaa1-Val-Gly-Xaa1-Phe-Cys-Gly-Leu-Xaa3-Leu-Ile-Lys-Asn-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Gln-Ile-Cys-Leu-Gly-Val-Cys-Ala-Lys-Val-Phe-^ (配列番号 : 250)

【0589】

名称 : R6.6

種 : radiatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0590】

【化252】

ATTAGACAAGAAAGAGTGCACTGCCAATGGTGAATTTTGTGGCATATCGGTCTTTGG
AAGCTACCTATGCTGCAGTGGCCGGTGTGTATTCGTCTGCATCTAGTTGAACTGCCG
TGATGTCTTCTACTCCCCT (配列番号 : 251)

【0591】

翻訳 :

【0592】

【化253】

LDKKECTANGFCGISVFGSYLCCSGRCVFVCI (配列番号 : 252)

【0593】

毒素配列 :

【0594】

【化254】

Xaa1-Cys-Thr-Ala-Asn-Gly-Xaa1-Phe-Cys-Gly-Ile-Ser-Val-Phe-Gly-Ser-Xaa5-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-Arg-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Ile-^ (配列番号 : 253)

【0595】

名称 : R6.7

種 : radiatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0596】

【化255】

ATTGGACAAGAAAGAGTGCCTACCAATGGTGAATTTTGTGGCATATCGGTCTTTGC
AAGCTTCCTATGCTGCAGTGGCCTGTGTGTATTTCGTCTGCATCTAGCTGAACTGCCG
TGATGTCTTCTCTCCCCT (配列番号 : 254)

【0597】

翻訳 :

【0598】

【化256】

LDKKECTTNGEFCGISVFASFLCCSGLCVFVCI (配列番号 : 255)

【0599】

毒素配列 :

【0600】

【化257】

Xaa1-Cys-Thr-Thr-Asn-Gly-Xaa1-Phe-Cys-Gly-Ile-Ser-Val-Phe-Ala-Ser-Phe-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-Leu-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Ile-^ (配列番号 : 256)

【0601】

名称 : R6.8

種 : radiatus

単離 : いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0602】

【化258】

ATTGGACAAGAGAAAATGCTTTCCCAAAAATCATTTTTGTGGCTTTGTGGTGATGCT
GAACTACCTATGCTGCAGTGGCCGGTGTATATTCGTCTGCGTCTAGTTGAACTGCCG
TGATGTCTTCTACTCCCAT (配列番号：257)

【0603】

翻訳：

【0604】

【化259】

LDKRKCFPKNHFCGFVVMLNYLCCSGRCIFVCV (配列番号：258)

【0605】

毒素配列：

【0606】

【化260】

Lys-Cys-Phe-Xaa3-Lys-Asn-His-Phe-Cys-Gly-Phe-Val-Val-Met-Leu-Asn-Xaa5-Leu-Cys-Cys-
Ser-Gly-Arg-Cys-Ile-Phe-Val-Cys-Val-^ (配列番号：259)

【0607】

名称：Rg6.5

種：regius

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0608】

【化261】

TTGAACAAGAGAAGCTGCCTTCCTCTAGACTGGTTTTGTGGCTTCAATATAATTGGA
GCGTTTCTGTGCTGTAGTGGCTACTGCCTTGTCGTCTGCATGTAAACTGCCGTGAT
GTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：260)

【0609】

翻訳：

【0610】

【化262】

LNKRSCPLDWFCGFNIIGAFLCCSGYCLVVC M (配列番号：261)

【0611】

毒素配列：

【0612】

【化263】

Ser-Cys-Leu-Xaa3-Leu-Asp-Xaa4-Phe-Cys-Gly-Phe-Asn-Ile-Ile-Gly-Ala-Phe-Leu-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa5-Cys-Leu-Val-Val-Cys-Met-^ (配列番号：262)

【0613】

名称：De6.2

種：delessertii

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0614】

【化264】

ATGAAACTGACGTGTCTGCTGATCGTTGCTGTGCTGGTCTTGGCAGCCTGTCAGTTC
 ATCGTAGCTGGCGACTCGAGTGATGGCCAGGAGAATCCTGCTCTGAGGTCACCTAG
 CGATTCCTCTGGGAAAATGTCATCAATGAAGCGCTTCCAGACACGGCTGATGGTGG
 GGCAATCTGCATCGAAAAGACCAAGCAAGAGGGACTGCATCCCCGGCGGCGAAAA
 TTGTGATGTATTCCGACCATAACGGTGCTGCAGTGGATATTGCATACTACTCCTTTG
 CGCATGATAAAGCTGCCTTGATGTCTTCTCCTCCCCCTC (配列番号：263)

【0615】

翻訳：

【0616】

【化265】

MKLTCLLIVAVLVLAACQFIVAGDSSDGQENPALRSPSDSSGKMSSMKRFQTRLMVGQ
SASKRPSKRDCIPGGENCDFRPPYRCCSGYCILLCA(配列番号：264)

【0617】

毒素配列：

【0618】

【化266】

Asp-Cys-Ile-Xaa3-Gly-Gly-Xaa1-Asn-Cys-Asp-Val-Phe-Arg-Xaa3-Xaa5-Arg-Cys-Cys-Ser-
Gly-Xaa5-Cys-Ile-Leu-Leu-Leu-Cys-Ala-^ (配列番号：265)

【0619】

名称：Striat21

種：striatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0620】

【化267】

GCTGGTTCGCCTGCAGGTACCGGTCCGGAATTCCCGGGTCGACATCATCATCGA
TCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGCCAACTGTATTAATATT
CAAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGATGGTGCATTCCCTAGTGGTGA
ACTTTGTTTCCGCTCGGATCACATAGGATGCTGCAGTGGCAAGTGCGCATTCGTCTG
CTTGTA AAAACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCATCTAGTAGTAGTAGGCGGCCGCTC
TAGAGGATCCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGTGTC
ACCTAAATTCAATTCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCCTGG
CGTTACCCA ACTTAATCGCCTTGCAGCACATCCCCCTTTCGCCAGCTGGCGTAATAG
CGAAGAGGCCCGCACCGATCGCCCTTCCAACAGTTTGCAGCAGCCTGAATGGCGAA
TGGGACGCGCCCTGTAGCGGCGCATTAAACCGCGGCGGGTGTGGGTGGGTTACGCC
CACGTGACCCGCTACACTTGCCAGCGCCCTANCGCCCCGCTCCTTTCGCTTTCTTTCC
CTTCCCTTTAAGGGTTNCCGAATTANTGCTTTACCGGNACCCTTGACCCCAAAAAA
ACTTGGANTAAGGGGNGATGGNTCNCGTAANTGGGGGCCATCNCCTGAANAGA
ACGGTTTTTCNCCCCTTTTGACNGTTGGGNGTTCCNCGGTTTTTAAAAAANGGGACC
TTTTNTTTCAAA ACTGGGAANANACCTAAACCCTATTTTTGGGGCTATTTTTTTGAN
TTTNAANGGGATTTTGCCCCATTTTNGGCCCTNTTGGGGTAAAAAAAAGAGCCGG
TTTTAAAAAAATTTTACCCCAAATTTTAAACAAAATTTTTT (配列番号：266)

【0621】

翻訳：

【0622】

【化268】

LRWCIPSGELCFRSDHIGCCSGKCAVCL (配列番号：267)

【0623】

毒素配列：

【0624】

【化269】

Leu-Arg-Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Phe-Arg-Ser-Asp-His-Ile-Gly-Cys-Cys-Ser-Gly-Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：268)

【0625】

名称： -Striatus 26

種：striatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0626】

【化270】

TTGAGATGGTGCATTCCTAGTGGTGATCTTTGTTTCCGCTCGGATCACATAGGATGC
TGCAGTGGCAAGTGCGCATTCGTCTGCTTGTA (配列番号：269)

【0627】

翻訳：

【0628】

【化271】

LRWCIPSGDLCFRSDHIGCCSGKCAVCL (配列番号：270)

【0629】

毒素配列：

【0630】

【化272】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Arg-Ser-Asp-His-Ile-Gly-Cys-Cys-Ser-Gly-Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-[^] (配列番号 : 271)

【0631】

名称 : -Striatus 106

種 : striatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0632】

【化273】

TTGAGATGGTGCATTCCTAGTGGTGATCTTTGTTTCCGCTCGGATCACATACAATGC
TGCAGTGGCAAGTGCGCATTCGTCTGCTTGTA (配列番号 : 272)

【0633】

翻訳 :

【0634】

【化274】

LRWCIPSGDLCFRSDHIQCCSGKCAFVCL (配列番号 : 273)

【0635】

毒素配列 :

【0636】

【化275】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Arg-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-[^] (配列番号 : 274)

【0637】

名称 : 06.3

種 : obscurus

単離 : いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0638】

【化276】

cgatccatctgtccatccatccattcagtcattcgctgccaactgtaacaaatattcaagcttctgcttctgtttgtgtctgacagATTGAG
ATGGTGCCTTCCTAGCGGTGAAGTTTGTCCGCTATGAATTCGTGGGATGCTGCAG
TGGCAAGTGCTTCTTCGTCTGCTCGTAAACTGTTGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC
(配列番号：275)

【0639】

翻訳：

【0640】

【化277】

VSDRLRWCVPSGEVCRRYEFVGGCCSGKCFVCS (配列番号：276)

【0641】

毒素配列：

【0642】

【化278】

Leu-Arg-Xaa4-Cys-Val-Xaa3-Ser-Gly-Xaa1-Val-Cys-Arg-Arg-Xaa5-Xaa1-Phe-Val-Gly-Cys-
Cys-Ser-Gly-Lys-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Ser-^ (配列番号：277)

【0643】

名称：R6.3

種：radiatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0644】

【化279】

ctctctctctctctgctggacaggTCGACTCGCTGCTTGCCCTGACGGAACGTCTTGCCTTTTTAGTA
 GGATCAGATGCTGCGGTA CTTGCAGTTCAATCTTAAAGTCATGTGTGAGCTGATCCG
 GCGGTTGATCTTCCTCCCTCTGTGCTCCATCCTTTTCTGCCTGAGTCCTCCTTACCTG
 AGAGTGGTCATGAACCACTCATCACCTACTCCTCTGGAGGCTTCAGAGGAGCTACAT
 TGAAATAAAAGCCGCATTGC (配列番号 : 278)

【0645】

翻訳 :

【0646】

【化280】

RSTRCLPDGTSCLFSRIRCCGTCSSILKSCVS (配列番号 : 279)

【0647】

毒素配列 :

【0648】

【化281】

Cys-Leu-Xaa3-Asp-Gly-Thr-Ser-Cys-Leu-Phe-Ser-Arg-Ile-Arg-Cys-Cys-Gly-Thr-Cys-Ser-Ser-
 Ile-Leu-Lys-Ser-Cys-Val-Ser-^ (配列番号 : 280)

【0649】

名称 : G6.3

種 : geographus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0650】

【化282】

GGATCTTGACGGTGAATTCGCTTCATATTTTTCTACTGTCGTCTTTGGCATCATCC
 AAAACATCACCAAGATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGA
 CCGCCTGGACATTCGTCACGGCTGTGCCTCACTCCAGCGATGTATTGGAGAATCTTT
 ATCTGAAGGCACTTCACGAAACGGAAAACCACGAAGCCTCTAAATTGAACGTGAGA
 GACGACGAGTGCGAACCTCCTGGAGATTTTTGTGGCTTTTTTAAAAATTGGGCCGCCT
 TGCTGCAGTGGCTGGTGCCTCCTCTGGTGCGCCTAAACTGCCGTGATGTCTTCTATT
 CCCCTCTGTGCTACCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGCGTGCCCTTCAGTGGTTATGAA
 CCCCCCTGAGCCGACTCTCTGGGGGCCTCGGGGGTTCAACATCCAATAAAGCGAC
 AACACAATCACAAGTAAAAAA (配列番号 : 281)

【0651】

翻訳：

【0652】

【化283】

MKLTCMMIVAVLFLTAWTFVTAAPHSSDVLENLYLKALHETENHEASKLNVRDDECEP
 PGDFCGFFKIGPPCCSGWCFLWCA (配列番号：282)

【0653】

毒素配列：

【0654】

【化284】

Asp-Asp-Xaa1-Cys-Xaa1-Xaa3-Xaa3-Gly-Asp-Phe-Cys-Gly-Phe-Phe-Lys-Ile-Gly-Xaa3-Xaa3-
 Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ala-^ (配列番号：283)

【0655】

名称：Tx6.8

種：textile

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0656】

【化285】

GCTGCAGGTCGACTCTAGAGGCGTTGGAGAATCTTTATCTGAAGGCACATCATGAA
 ATGAACAACCCCGAAGACTCTGAATTGAACAAGAGGTGCTATGATAGTGGGACAAG
 TTGTAACACTGGAAACCAATGCTGCAGTGGCTGGTGCATTTTCGTCTGCCTCTAAAA
 CTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTACCTACCTGGCTTGATCTTTGATTGG
 CGCGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCCTCTGATCCGACTCTCTGGGGGCCTCGGGG
 ATCCAACATCAAAATANAGCGACAGCACAATCAC (配列番号：284)

【0657】

翻訳：

【0658】

【化286】

CRSTLEALENLYLKAHHEMNNPEDSELNKRCYDSGTSCNTGNQCCSGWCIFVCL
 (配列番号 : 285)

【0659】

毒素配列 :

【0660】

【化287】

Cys-Xaa5-Asp-Ser-Gly-Thr-Ser-Cys-Asn-Thr-Gly-Asn-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Ile-
 Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 286)

【0661】

名称 : Qc6.1

種 : quercinus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0662】

【化288】

GCTTCGTATTTCTCCGCTGTCTTCCTTGGCATCACCCAAAACATCACCAAGATGAAA
 CTGACGTGCATGATGATCGTTGCTCTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTCGTCACG
 GCTGTTGACTCCAAAAATGAACTGGAGaACAGAGGAGGATGGGGGCAGGCAGGAG
 GATGGGGGAAACTTTTTCCGATGGCACGCGACGAAATGAAAAACAGCGAAGTCTCT
 AAATTGGACAATAAGAGAAAGTGCCTGCGCTGCAGCCGGTGAAGCTTGCCTAATACCTAT
 CATTGGaAACGTATTTGCTGCAAAGGCTACTGtCTTTTCGTCTGCATTAGTTAAACT
 GcTGTGATGCcTTCTACTCACCTCTGTGCTACCTGGCTTGATCTTTGATTGGCGTGTGC
 CCTTCACTGGTTATGAgCTCGTCTGAtCCTACTCTCTGGAGACCTCTGTGGTCCAACAt
 CCaAATAAAGCGGcATCCCAATG (配列番号 : 287)

【0663】

翻訳 :

【0664】

【化289】

MKLTcMMIVALLFLTAWTFVTAVDSKNELENRGGWGWQAGGWGKLFPMARDEMKNSE
 VSKLDNKRKCAAGEACVIPIIGNVFCCCKGYCLFVCIS (配列番号 : 288)

【0665】

毒素配列：

【0666】

【化290】

Cys-Ala-Ala-Ala-Gly-Xaa1-Ala-Cys-Val-Ile-Xaa3-Ile-Ile-Gly-Asn-Val-Phe-Cys-Cys-Lys-Gly-Xaa5-Cys-Leu-Phe-Val-Cys-Ile-Ser-^ (配列番号：289)

【0667】

名称：Lp6.5

種：leopardus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0668】

【化291】

ATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGATATTC
 ATCACGGCTGATGACTCCACAAATGGACTGGAGAATCGTTTTAGGAAGGCACGTGA
 CAACATGAAGAACGCCAAAGCCTCTACATTAGCCGAGAAGAAAGCGTGTGTTGAAC
 TTGGTGAGATTTGTGCCACAGGCTTCTTCTAGACGAGGAATGCTGCACTGGTTCAT
 GCCATGTCTTCTGCGTACTATAGTTAAACTGCTGTGATGTCTTCTTCTCCTCCGTG
 CTACCTGGCTTGATCTTTGATTGGTGCCTGTCCTCAGTGGTTGTGAAACCCTCTGAT
 CCTACTCTCTGGACGCCTCTGAGGCCCAACATCCAAATAAAGCGACATCCTAATGCC
 AAAAAAAAAA (配列番号：290)

【0669】

翻訳：

【0670】

【化292】

MKLTCCVVIVAVLFLTAWIFITADDSTNGLENRFRKARDNMKNAKASTLAEEKKACVELG
 EICATGFFLDEECCTGSCHVFCVL (配列番号：291)

【0671】

毒素配列：

【0672】

【化293】

Ala-Cys-Val-Xaa1-Leu-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Ala-Thr-Gly-Phe-Phe-Leu-Asp-Xaa1-Xaa1-Cys-Cys-Thr-Gly-Ser-Cys-His-Val-Phe-Cys-Val-Leu-^ (配列番号：292)

【0673】

名称：Mr6.4

種：marmoreus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0674】

【化294】

ATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTT
GCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTCGAAGGCACATCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCCCTAACACTGGTG
AATTATGTGATGTGGTTGAACAAACTGCTGCTATACCTATTGCTTTATTGTAGTCT
GCCTATAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTGCCTGGCTTGATCTTT
GATTGGCGCGTGCCCTTCACTGGTTATGACCCCTGATCCGACCTCTGGGG
(配列番号：293)

【0675】

翻訳：

【0676】

【化295】

MKLTCVVIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLENLFSKAHHEMKNPEASKLNKRCPNTGEL
CDVVEQNCCYTYCFIVVCL (配列番号：294)

【0677】

毒素配列：

【0678】

【化296】

Cys-Xaa3-Asn-Thr-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Asp-Val-Val-Xaa1-Gln-Asn-Cys-Cys-Xaa5-Thr-Xaa5-Cys-Phe-Ile-Val-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：295)

【0679】

名称：Qc6.2

種：quercinus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0680】

【化297】

GGATCCATGAAACTGACGTGTATGGTGATCGTTGCTGTGCTATTCTTGACCGCCTCG
GCTGATGACTCCAGAAATGGATTCGAGAATCGAAATGGAGAACGAAACGAAAACG
AAATGAAGAACCTCGAAGCCTCTAAATTGAACAGGAGAGACGGCGATTGCGTTGAT
GGTGGTGAATTTTGTGGCTTTCCGAAAATTGGAGGGCCATGCTGTAGTGGCTGGTGC
TTTTTCGTCTGCTTATAAACTGCCATGATGTCCTTACCCCCCTCTGTGCTACCTGA
CTTGATCTTTGATTGGCGTGTGCCCTTCACTGGTTATGAACCCCTCTGATCCGACTCT
CTGGAGGCCTCGGGGTCCAACATCCAATAAAGCGACAGCAAAAAAAAAAAAAA
AAAAA (配列番号：296)

【0681】

翻訳：

【0682】

【化298】

MKLTCMVIVAVLFLTASADDSRNGFENRNGERNENEMKNLEASKLNRRDGDGCVDDGGE
FCGFPKIGGPCCSGWCFFVCL (配列番号：297)

【0683】

毒素配列：

【0684】

【化299】

Asp-Gly-Asp-Cys-Val-Asp-Gly-Gly-Xaa1-Phe-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Ile-Gly-Gly-Xaa3-Cys-
Cys-Ser-Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：298)

【0685】

名称：Qc6.3

種 : quercinus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0686】

【化300】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTATTCTTGACCGCCTTG
GCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCGAAATGAACAAGAACGAAACGAAA
ACGAAATGAGGGACCGCCGGGACTGCCAAGATAGTGGTGTAGTTTGTGGCTTTCCG
AAACCTGAACCACACTGCTGCAGTGGCTGGTGCCTTTTCGTCTGCGCCTAAAACCTGC
CGTGATGTCAAATAAAGCGACAGACAATNAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

(配列番号 : 299)

【0687】

翻訳 :

【0688】

【化301】

MKLTCVVIVAVLFLTALADDSRNGLENRNEQERNENEMRDRRDCQDSGVVCGFPKPEP
HCCSGWCLFVCA (配列番号 : 300)

【0689】

毒素配列 :

【0690】

【化302】

Asp-Cys-Gln-Asp-Ser-Gly-Val-Val-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Xaa3-Xaa1-Xaa3-His-Cys-Cys-
Ser-Gly-Xaa4-Cys-Leu-Phe-Val-Cys-Ala-^ (配列番号 : 301)

【0691】

名称 : Ar6.5

種 : arenatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列：

【0692】

【化303】

GGATCCATGAAACTGACGTGTGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTCGTACGGCTGACTCCATACGTGCACTGGAGGATTTTTTGC GAAGGCACGT
 GACGAAATGAAAAACAGCGGAGCTTCTCCATTGAACGAGAGAGACTGCCGACCTGT
 AGGTCAATATTGTGGCATAACCGTATAAGCACAACTGGCGATGCTGCAGTCAGCTTTG
 TGCAATTATCTGTGTTTCCCTAACCCCTCTGATCCTACTCTCTGAAGACCTCCGGGATT
 CAACATCCAAATAAAGCGACATCCCGATNAAAAAAAAANGAAAAAAAAAAAAAAAAAA
 (配列番号：302)

【0693】

翻訳：

【0694】

【化304】

MKLTCVVIVAVLFLTAWTFVTADSIRALEDFFAKARDEMENS GASPLNERDCRPVGQY
 CGIPYKHNWRCCSQLCAIICVS (配列番号：303)

【0695】

毒素配列：

【0696】

【化305】

Asp-Cys-Arg-Xaa3-Val-Gly-Gln-Xaa5-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Xaa5-Lys-His-Asn-Xaa4-Arg-Cys-
 Cys-Ser-Gln-Leu-Cys-Ala-Ile-Ile-Cys-Val-Ser-^ (配列番号：304)

【0697】

名称：Ar6.11

種：arenatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0698】

【化306】

GGATCCATGAAACTGACGTGTGTGGTGATCGTTGTTGTGCTGTTCTTGACCCGCTGG
ACATTCGTCAAGGCTGATGACTCCATAAATGGATTGGAGAATCTTTTTCCGAAGGCA
CGTCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACGAGAGGTGCCTTGAAAA
GGGTGTACTTTGTGATCCGAGTGCTGGAAACTGCTGTAGTGGCGAATGCGTTTTAGT
CTGCCTCTAAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCGAG

(配列番号 : 305)

【0699】

翻訳 :

【0700】

【化307】

MKLTVCVVIVVFLTAWTFVKADDSINGLENLFPKARHEMKNPEASKLNERCLEKGVL
CDPSAGNCCSGECVLVCL (配列番号 : 306)

【0701】

毒素配列 :

【0702】

【化308】

Cys-Leu-Xaa1-Lys-Gly-Val-Leu-Cys-Asp-Xaa3-Ser-Ala-Gly-Asn-Cys-Cys-Ser-Gly-Xaa1-Cys-
Val-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 307)

【0703】

名称 : Ar6.12

種 : arenatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0704】

【化309】

GGATCCATGAAACTGACGTGCATGGTGATCGTTACTGTGTTGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTCGTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGAATTGGAGAATCTTTTCTGAAGGCA
 TATCACGAAATGAACTCCGAAGCCTCTAAATTGGACAAGAAAGAGTGCCTTGCTGG
 TAGTCACTTTTGTGGTTTTCCGAAAATTGGAGGGCCATGCTGCAGTGGCTGGTGCTT
 TTTCGTCTGCTTGTAACCTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCG
 AG (配列番号 : 308)

【0705】

翻訳 :

【0706】

【化310】

MKLTCMVIVTVLFLTAWTFVTADDSRNELENLFLKAYHEMNSEASKLDDKKECVAGSHF
 CGFPKIGGPCCSGWCFFVCL (配列番号 : 309)

【0707】

毒素配列 :

【0708】

【化311】

Xaa1-Cys-Val-Ala-Gly-Ser-His-Phe-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Ile-Gly-Gly-Xaa3-Cys-Cys-Ser-
 Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 310)

【0709】

名称 : Ts6.2

種 : tessulatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0710】

【化312】

GGATCCATGAAACTGACGTGTGGTGATCGTTGCTGTGATGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTCATCACGGCTGATGACTCCATAAATGGACTGGAGGATAGAGGCATATGGGG
 GGAACCTTTGTGCAAGGCACGTGACGAAATGAACCCCGAAGTCTCTAAACGGGATT
 GCTGGCCTCAATATTGGTTTTGTGGCCTACAGAGGGGATGCTGCCAGGGACTACTT
 GCTTCTTCCTTTGCTTTTAGTGATCTCTTCGACTCCCTTCTGTGCTACCTGGCTTGACC
 TTTGATTGGCGCGTGCCCTTCACTGGTTATAAACCCCTCTGTTCCCTCCTCTCTGGACG
 CTTGCGGGGTGTCCAGCATCCAAATAAAGCGACGTCCCCAAAAAAAAAAAAAAAAAA
 AA (配列番号 : 3 1 1)

【0711】

翻訳 :

【0712】

【化313】

MKLTCVVIVAVMFLTAWTFITADDSINGLEDGRGIWGEPLSKARDEMNPVSKRDCWPQ
 YWFCGLQRGCCPGTTGFFLCF (配列番号 : 3 1 2)

【0713】

毒素配列 :

【0714】

【化314】

Asp-Cys-Xaa4-Xaa3-Gln-Xaa5-Xaa4-Phe-Cys-Gly-Leu-Gln-Arg-Gly-Cys-Cys-Xaa3-Gly-Thr-
 Thr-Cys-Phe-Phe-Leu-Cys-Phe-^ (配列番号 : 3 1 3)

【0715】

名称 : Ts6.4

種 : tessulatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0716】

【化315】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGGTTCGTTGCTGTGCTGTTCTTGAACGCCTGG
 ACATTCGCCACGGCTGTTGACTCCAAACATGCACTGGCGAAACTTTTTATGAAGGCA
 CGTGACGAAATGTATAACCCCGATGCCACTAAATTGGACGATAAGAGATGGTGCGC
 TTAGATGGTGAACCTTTGTATCATACCGGTCAATGGGTCCATATTTGCTGCCATGGC
 ATATGTATGATCTACTGCGTCTAGTTGAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTCTGT
 GCTACCCCTGGTTTGATCTTTGATTGCCCTGTGCCCTTCACTGATTATGAATCCCTCT
 GATCCTACTCTCTGAAGACCTCTTGGGGTCCAACATCCAAATAAAGCGACATCCCAA
 AAAAAAAAAAAAAAAAAA (配列番号 : 314)

【0717】

翻訳 :

【0718】

【化316】

MKLTCTVVVAVLFLNAWTFATAVDSKHALAKLFMKARDEMYNPDATKLDDKRWCA
 LDGELCIPVIGSIFCCHGICMIYCV (配列番号 : 315)

【0719】

毒素配列 :

【0720】

【化317】

Xaa4-Cys-Ala-Leu-Asp-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Ile-Ile-Xaa3-Val-Ile-Gly-Ser-Ile-Phe-Cys-Cys-His-
 Gly-Ile-Cys-Met-Ile-Xaa5-Cys-Val-^ (配列番号 : 316)

【0721】

名称 : Im6.1

種 : imperialis

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0722】

【化318】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGTTCGTTGCTGTGCCGTTCTTGACCGCCTCG
 GTATTCATCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGAATCGAGAATCTTCCTCGGATGAG
 ACGTCACGAAATGAAGAACCCCAAAGCCTCTAAGTTGAACAAGAGACAGTGCCGTG
 TAGAAGGTGAAATTTGTGGCATGCTGTTTGAAGCACAATGCTGCGATGGCTGGTGCT
 TTTTCGTCTGCATGTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTACTCTCCTCTGTGCTACCTGCC
 CTGATCTTTGATTGGCTCGCGCCCTTCATTGGTTATGAACCCCTCTGATCCTACTCTC
 TGGAGGCCTCAGGGGTCCAGCATCTAAATAAAGCGACATCACAATCAAAAAAAAAA
 AAAAAAAAAA (配列番号 : 3 1 7)

【0723】

翻訳 :

【0724】

【化319】

MKLTCVVFVAVPFLTASVFITADDSRNGIENLPRMRRHEMKNPKASKLNKRQCRVEGEI
 CGMLFEAQCCDGWCFFVCM (配列番号 : 3 1 8)

【0725】

毒素配列 :

【0726】

【化320】

Xaa2-Cys-Arg-Val-Xaa1-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Gly-Met-Leu-Phe-Xaa1-Ala-Gln-Cys-Cys-Asp-
 Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Met-^ (配列番号 : 3 1 9)

【0727】

名称 : Ca6.5

種 : characteristic

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0728】

【化321】

GGATCCATGAAACTGACGTGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTCGTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTCCGAAGGCA
 CGTCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCGTTGACCC
 TGGTGAATTTTGTGGTCCGGGATTTGGAGATTGCTGCACTGGCTTCTGCCTTTTAGTC
 TGCATCTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCGAG

(配列番号：320)

【0729】

翻訳：

【0730】

【化322】

MKLTCCVVIVAVLFLTAWTFVTADDSRNGLENLFPKARHEMKNPEASKLNKRCVDPGEF
 CGPGFGDCCTGFCLLVC (配列番号：321)

【0731】

毒素配列：

【0732】

【化323】

Cys-Val-Asp-Xaa3-Gly-Xaa1-Phe-Cys-Gly-Xaa3-Gly-Phe-Gly-Asp-Cys-Cys-Thr-Gly-Phe-Cys-
 Leu-Leu-Val-Cys-Ile-[^] (配列番号：322)

【0733】

名称：Mf6.2

種：miliaris

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0734】

【化324】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGTTGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTCGTCATGGCTGATGACTCCAGAAATGATTTGGAGAATCTTTTTCTGAAGGCA
 CGTCATGAAATGAAGAACCCCGAAGCTTCTAAATTGAACAAGAGATGCCTTCCAAA
 TGGTGTACTTTGTGATCTGGGATCTCCACCATACTGCTGCAGTGGCTGGTGC CGCGAT
 CGTCGTCTGCATCTAAAACCTGTCGTCATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCG
 AG (配列番号：323)

【0735】

翻訳：

【0736】

【化325】

MKLTCCVIVAVLFLTAWTFVMADDSRNDLENLFLKARHEMKNPEASKLNKRCLPNGV
LCDLGSPPYCCSGWCAIVVCI (配列番号：324)

【0737】

毒素配列：

【0738】

【化326】

Cys-Leu-Xaa3-Asn-Gly-Val-Leu-Cys-Asp-Leu-Gly-Ser-Xaa3-Xaa3-Xaa5-Cys-Cys-Ser-Gly-
Xaa4-Cys-Ala-Ile-Val-Val-Cys-Ile-^ (配列番号：325)

【0739】

名称：Ak6.1

種：atlanticus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0740】

【化327】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
ACATTCGTCACGGCTGATGACTCCATAAATGGGTTGGAGAATCTTTTCCGAAGGCA
CGTCACGAAATGAGGAAACCCGAAGCCTCTAGATCGAGAGGGAGGTGCCGTCCTCG
TGGTATGTTCTGTGGCTTTCGAAACCTGGACCATACTGCTGCAATGGCTGGTGCTT
TTTCGTCTGCATCTAAAACCTGCCGTGATGTGTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCG
AG (配列番号：326)

【0741】

翻訳：

【0742】

【化328】

MKLTCVVIVAVLFLTAWTFVTADDSINGLENLFPKARHEMRKPEASRSRGRPCRPRGMF
CGFPKPGPYCCNGWCFFVCI (配列番号：327)

【0743】

毒素配列：

【0744】

【化329】

Cys-Arg-Xaa3-Arg-Gly-Met-Phe-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Xaa3-Gly-Xaa3-Xaa5-Cys-Cys-Asn-
Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Ile-^ (配列番号：328)

【0745】

名称：Lv6.1

種：lividus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0746】

【化330】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
ACATTTGCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTTCGAAGGCA
CATCACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGGTGCCCTAACAC
TGGTGAATTATGTGATGTGGTTGAACAAAACCTGCTGCTATACCTATTGCTTTATTGT
AGTCTGCCTATAAACTACCGTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCGAG
(配列番号：329)

【0747】

翻訳：

【0748】

【化331】

MKLTCVVIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLENLFSKAHHEMKNPEASKLNKRCPNTGEL
CDVVEQNCCYTYCFIVVCL (配列番号：330)

【0749】

毒素配列：

【0750】

【化332】

Cys-Xaa3-Asn-Thr-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Asp-Val-Val-Xaa1-Gln-Asn-Cys-Cys-Xaa5-Thr-Xaa5-Cys-Phe-Ile-Val-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：331)

【0751】

名称：Pu6.3

種：pulicarius

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0752】

【化333】

GGATCCATGAAACTGACGTGCATGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
ACATTCGTCAAGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTTTCCGAAGGC
ACGTCACGAAATGAAGAACTCCAAAGCCTCTAAATTAACAAGAGGTGCGTTGAAG
ATGGTGATTTTTGTGGTCCGGGATATGAAGAGTGCTGCAGTGGCTTCTGCCTTACG
TCTGCATCTAAAAGTCCCGTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCTACCCCTCGAG
(配列番号：332)

【0753】

翻訳：

【0754】

【化334】

MKLTVMVIVAVLFLTAWTFVKADDSRNGLENLFPKARHEMKNSKASKLNLKRCVEDGD
FCGPGYEECCSGFCLYVCI (配列番号：333)

【0755】

毒素配列：

【0756】

【化335】

Cys-Val-Xaa1-Asp-Gly-Asp-Phe-Cys-Gly-Xaa3-Gly-Xaa5-Xaa1-Xaa1-Cys-Cys-Ser-Gly-Phe-
Cys-Leu-Xaa5-Val-Cys-Ile-^ (配列番号 : 334)

【0757】

名称 : Ge6.1

種 : generalis

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0758】

【化336】

GGATCCATGAAACTGACGTGTGTGGTGATCGTTGCTGTGCTATTCTTGACCGCCTGG
ACATTCGTACGGCTGATGACACCAGATATAAACTGGAGAATCCTTTTCTGAAGGC
ACGCAACGAACTGCAGAAACACGAAGCCTCTCAACTGAACGAGAGAGGCTGCCTTG
ACCCAGGTTACTTCTGTGGGACGCCGTTTCTTGGAGCATACTGCTGCGGTGGCATT
GCCTTATTGTCTGCATAGAAACGTAAAGGCTTGATGTCTTCTACTCCCATCTGTGCT
ACCCCTCGAG (配列番号 : 335)

【0759】

翻訳 :

【0760】

【化337】

MKLTCCVVIVAVLFLTAWTFVTADDTRYKLENPFLKARNELQKHEASQLNERGCLDPGY
FCGTPFLGAYCCGGICLIVCIET (配列番号 : 336)

【0761】

毒素配列 :

【0762】

【化338】

Gly-Cys-Leu-Asp-Xaa3-Gly-Xaa5-Phe-Cys-Gly-Thr-Xaa3-Phe-Leu-Gly-Ala-Xaa5-Cys-Cys-
Gly-Gly-Ile-Cys-Leu-Ile-Val-Cys-Ile-Xaa1-Thr-^ (配列番号 : 337)

【0763】

 名称 : Ep6.1

種 : episcopatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0764】

【化339】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
 ACATTTGCCACGGCTGATGACCCCAGAAATGGATTGGGGAATCTTTTTTCGAATGTA
 CATCACGAAATGAAGAACCCTCGAAGACTCTAAATTGGACAAGAAGTGCCTTGGGTT
 TGGTGAAGCTTGTCTTATGCTTTATTCAGACTGCTGCAGCTATTGCGTTGCTCTTGTC
 TGCCATAAAACTACCGTGACGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTACCTGGCTTGATCTT
 TGATTGGCGTGTGCGCTTCACTGGTTATGAACCCCTCTGATCCTACTCTCTGAAGAC
 CTCTGGGGTCCAACATCCAAATAAAGCGACATCACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
 AA (配列番号 : 338)

【0765】

翻訳 :

【0766】

【化340】

MKLTCVVIVAVLFLTAWTFATADDPRNGLGNLFSNVHHEMKNLEDSKLDKKCLGFGE
 ACLMLYSDCCSYCVLVCL (配列番号 : 339)

【0767】

毒素配列 :

【0768】

【化341】

Cys-Leu-Gly-Phe-Gly-Xaa1-Ala-Cys-Leu-Met-Leu-Xaa5-Ser-Asp-Cys-Cys-Ser-Xaa5-Cys-Val-
 Ala-Leu-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 340)

【0769】

名称 : Ep6.2

種 : episcopatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0770】

【化342】

GGATCCATGAAACTGACGTGCGTGGTGATCATTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGG
ACATTCGTCATGGCTGATGACCCCAGAGATGAACCGGAGGCACGTGACGAAATGAA
CCCCGCAGCCTCTAAATTGAACGAGAGAGGCTGCCTTGCAGTTGATTATTTTTGCGG
CATACCGTTTGTGAGCAACGGGCTATGCTGCAGTGGCAATTGTGTTTTTGTCTGCAC
ACCCCAAGGGAAGTAAACTGCCGTGACGTCTTCTACTCCCCTCTGTGCTACCTGGC
TTGATCTTTGATTGGCGTGTGCACTTCACTGGTTATGAACCCCTCTGATCCTACTCTC
TGAAGACCTCTGGGGTCCAACATCCAAATAAAGCGACATCCCAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAA (配列番号：341)

【0771】

翻訳：

【0772】

【化343】

MKLT CVVIIAVLFLTAWTFVMADDP RDEPEARDEMNP AASKLNERGCLAVDYFCGIPF
VSNGLCCSGNCFVCTPQ GK (配列番号：342)

【0773】

毒素配列：

【0774】

【化344】

Gly-Cys-Leu-Ala-Val-Asp-Xaa5-Phe-Cys-Gly-Ile-Xaa3-Phe-Val-Ser-Asn-Gly-Leu-Cys-Cys-
Ser-Gly-Asn-Cys-Val-Phe-Val-Cys-Thr-Xaa3-Gln-# (配列番号：343)

【0775】

名称：Ac6.1

種：achatinus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0776】

【化345】

CGATCCTCTGTCCTCCATCTATTATTATTCGCTGCCAAACTGTGTAAATATTCAAGT
 CTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGGTTGAGATGGTGCATTCCTAGAGGTGATCTTTG
 TTTCCCCTCGGATCGCATACAATGCTGCAGTGGCAAGTGCACATTCGTCTGCATGTA
 AAAGTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：344)

【0777】

翻訳：

【0778】

【化346】

LRWCIPRGDLCFPSDRIQCCSGKCTFVCM (配列番号：345)

【0779】

毒素配列：

【0780】

【化347】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Arg-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-Arg-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-
 Lys-Cys-Thr-Phe-Val-Cys-Met-^ (配列番号：346)

【0781】

名称：Ac6.2

種：achatinus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0782】

【化348】

CGATCCTCTGTCCTCCTCCTTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTATTAATATTCTGAAT
 CTCTCTTTCTGTTTGTGTCTGACAGATTGAGAGGGTTCCTAGTGGTAAAATTTG
 TTAATTCATGGATCACATAGGATGCTGCAGTGGCAAGTGCACATTCGTCTGCATGTA
 AAAGTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：347)

【0783】

翻訳：

【0784】

【化349】

LRGCVPSGEICYFMDHIGCCSGKCTFVCM (配列番号：348)

【0785】

毒素配列：

【0786】

【化350】

Gly-Cys-Val-Xaa3-Ser-Gly-Xaa1-Ile-Cys-Xaa5-Phe-Met-Asp-His-Ile-Gly-Cys-Cys-Ser-Gly-Lys-Cys-Thr-Phe-Val-Cys-Met-^ (配列番号：349)

【0787】

名称：Bu6.7

種：bullatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0788】

【化351】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTACTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGATGACTCCACATATGGATTGAAGAATCTTTGCCGAACGGACGTCAT
 GAAATGATGAACCCCGAAGCCCCTAAATTGAACAAGAAAGATGAATGCTCTGCTCC
 TGGTGCAATTTGTCTCATCAGGCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTCTGCTTCTTTGCG
 TGTTTTTAGTGACGGTTGATGTCTTCTACTCCCCTC (配列番号：350)

【0789】

翻訳：

【0790】

【化352】

MKLTTCVMIVTVLFLTAWTFVTADDSTYGLKNLLPNGRHEMMNPEAPKLNKKDECSAP
GAFCLIRPGLCCSEFCFFACF (配列番号 : 351)

【0791】

毒素配列 :

【0792】

【化353】

Asp-Xaa1-Cys-Ser-Ala-Xaa3-Gly-Ala-Phe-Cys-Leu-Ile-Arg-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Phe-Cys-Phe-Phe-Ala-Cys-Phe-[^] (配列番号 : 352)

【0793】

名称 : Bu6.8

種 : bullatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0794】

【化354】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTACTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAGACGCTCCGGATAGTGCAGAAGGATGGGAGAACT
TTTCTCGGAGGCACGTGACGAAATGAAGAACCGCAAAGACTTTGAATTGAGAGGGT
GCCTTCCTAGGTGGGAATTTTGTCCCATCTTTAAAAAAAACGATTGCTGCAGTGGCA
TATGCATAAGCATCTGCTTGTA AAAACTCCGTGATGTCTTCTCTTCCCATC

(配列番号 : 353)

【0795】

翻訳 :

【0796】

【化355】

MKLTTCVMIVTVLFLTAWTFVTADDSRDAPDSAEGWEKLFSEARDEMKNRKDFELRGC
LPRWEFCPIFKKNDCCSGICISICL (配列番号 : 354)

【0797】

毒素配列：

【0798】

【化356】

Gly-Cys-Leu-Xaa3-Arg-Xaa4-Xaa1-Phe-Cys-Xaa3-Ile-Phe-Lys-Lys-Asn-Asp-Cys-Cys-Ser-Gly-Ile-Cys-Ile-Ser-Ile-Cys-Leu-^ (配列番号：355)

【0799】

名称：Sx6.4

種：striolatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0800】

【化357】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATTGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGATATTT
GTAATGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTCCTCAGACTACACGTCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACCAGACAGACTGCCTTGCTAAAG
ACGCTTTCTGTGCCTGGCCGATACTTGGACCACTGTGCTGCAGTCGCTTGTGCTTAT
ACGTCTGCATGtaaAACTGCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC (配列番号：356)

【0801】

翻訳：

【0802】

【化358】

MKLTCMMIVAVLFLTAWIFVMADDSRNGLENLPQTTRHEMKNPEASKLNQTDCLAKD
AFCAWPILGPLCCSRLCLYVCM (配列番号：357)

【0803】

毒素配列：

【0804】

【化359】

Asp-Cys-Leu-Ala-Lys-Asp-Ala-Phe-Cys-Ala-Xaa4-Xaa3-Ile-Leu-Gly-Xaa3-Leu-Cys-Cys-Ser-Arg-Leu-Cys-Leu-Xaa5-Val-Cys-Met-^ (配列番号 : 358)

【0805】

名称 : Cn6.9

種 : consors

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0806】

【化360】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTCTCCGAAGGCACGTCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATCGAACAAGAGATATGAGTGCTATTCTA
CTGGTACATTTTGTGGCATCAACGGAGGACTCTGCTGCAGCAACCTTTGCTTATTTTT
CGTGTGCTTAACATTTTCGTGATGTCTTCTCCTCCCTC (配列番号 : 359)

【0807】

翻訳 :

【0808】

【化361】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRNGLENLSPKARHEMKNPEASKSNKRYECYST
GTFCGINGGLCCSNLCLFFVCLTFS (配列番号 : 360)

【0809】

毒素配列 :

【0810】

【化362】

Xaa5-Xaa1-Cys-Xaa5-Ser-Thr-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Asn-Gly-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Asn-
Leu-Cys-Leu-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-Thr-Phe-Ser-^ (配列番号 : 361)

【0811】

名称 : Cn6.10

種 : consors

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0812】

【化363】

ATGAAACTGACGTGCCTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCACCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGATATGGATTGAAGAATCTTTTTCCGAAGGCACGTCAT
GAAATGAAGAACCCTGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGGGTGCTATAATGC
TGGTACATTTTGTGGCATCCGTCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTTGCTTTTTATGG
TGCATAACATTTGTTGATTCTGGCTAACAGTGTGCGTTGGTTGATGTCTTCTACTCCC
CTC (配列番号 : 362)

【0813】

翻訳 :

【0814】

【化364】

MKLTCLMIVAVLFLTTWTFVTADDSRYGLKNLFPKARHEMKNPEASKLNKRDGCYNA
GTFCGIRPGLCCSEFCFLWCITFVDSG (配列番号 : 363)

【0815】

毒素配列 :

【0816】

【化365】

Asp-Gly-Cys-Xaa5-Asn-Ala-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Arg-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Phe-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Val-Asp-Ser-# (配列番号 : 364)

【0817】

名称 : Cr6.6

種 : circumcibus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列：

【0818】

【化366】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTATTAAATATTC
AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTAGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
TTTGTTCCTCCCTCGGATCACATACAATGCTGCAATGCCAAGTGCGCATTCTGCTGCTT
GTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTTCCCTC (配列番号：365)

【0819】

翻訳：

【0820】

【化367】

NRLSRCIPSGDLCFPSDHIQCCNAKCAFVCL (配列番号：366)

【0821】

毒素配列：

【0822】

【化368】

Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Asn-Ala-Lys-
Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：367)

【0823】

名称：Cr6.5

種：circumcibus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0824】

【化369】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGTCAAACGTATTAAATATTC
 AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTTGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
 TTTGTTTCCCCTCGGATCACATAACAATGCTGCAGTGCCAAGTGCGCATTTCGTCTGCTT
 GTAAAACGTCCGTGATGTCTTCTACTCCCCTC (配列番号 : 368)

【0825】

翻訳 :

【0826】

【化370】

NRLSWCIPSGDLCFPSDHIQCCSAKCAFVCL (配列番号 : 369)

【0827】

毒素配列 :

【0828】

【化371】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Ala-
 Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 370)

【0829】

名称 : Cr6.5A

種 : circumcissus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0830】

【化372】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGTCAAACGTATTAAATATTC
 AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTAGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
 TTTGTTTCCCCTCGGATCACATAACAATGCTGCAGTGCCAAGTGCGCATTTCGTCTGCTT
 GTAAAACGTCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号 : 371)

【0831】

翻訳 :

【0832】

【化373】

NRLSRCIPSGDLCFPSDHIQCCSAKCAFVCL (配列番号：372)

【0833】

毒素配列：

【0834】

【化374】

Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Ala-Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：373)

【0835】

名称：Cr6.6A

種：circumcibus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0836】

【化375】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTATTAAATATTC
AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTAGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
TTTGTTTCCCCTCGGATCACATAACAATGCTGCAATGCCGAGTGCGCATTTCGTCTGCTT
GTAAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：374)

【0837】

翻訳：

【0838】

【化376】

NRLSRCIPSGDLCFPSDHIQCCNAECAFVCL (配列番号：375)

【0839】

毒素配列：

【0840】

【化377】

Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Asn-Ala-Xaa1-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：376)

【0841】

名称：Cr6.5B

種：circumcibus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0842】

【化378】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGTCAAACGTGATTAATATTC
AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTTGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
TTTGTTTCCCCTCGGATCACATACGATGCTGCAGTGCCAAGTGCGCATTTCGTCTGCTT
GTAAACTGCCGTGATGTCTTCTTCCCATC (配列番号：377)

【0843】

翻訳：

【0844】

【化379】

NRLSWCIPSGDLCFPSDHIRCCSAKCAFVCL (配列番号：378)

【0845】

毒素配列：

【0846】

【化380】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Arg-Cys-Cys-Ser-Ala-
Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 379)

【0847】

名称 : Cr6.6B

種 : circumcissus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0848】

【化381】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTATTAATATTC
AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTAGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
TTTGTTTCCCTCGGATCACATAAATGCTGCAATGCCAAGTGCGCATTGCGCTGCT
TGTAAAACTGCCGTGATGTCTTCTTCCCTC (配列番号 : 380)

【0849】

翻訳 :

【0850】

【化382】

NRLSRCIPSGDLCFPSDHIQCCNAKCAFACL (配列番号 : 381)

【0851】

毒素配列 :

【0852】

【化383】

Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Asn-Ala-Lys-
Cys-Ala-Phe-Ala-Cys-Leu-^ (配列番号 : 382)

【0853】

名称 : Cr6.6C

種 : circumcicus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0854】

【化384】

CGATCCATCTGTCCATCCATCTATTCATTCATTCGCTGCCAAACTGTATTAATATTC
AAGTCTCTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTTGGTGCATTCCTAGTGGTGATC
TTTGTTCCTCCCTCGGATCACATACAATGCTGCAATGCCAAGTGCGCATTTCGTCTGCTT
GTAAAAGTGCCTGATGTCTTCTACTCCCTC (配列番号 : 383)

【0855】

翻訳 :

【0856】

【化385】

NRLSWCIPSGDLCFPSDHIQCCNAKCAFVCL (配列番号 : 384)

【0857】

毒素配列 :

【0858】

【化386】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Asn-Ala-
Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号 : 385)

【0859】

名称 : Cr6.7

種 : circumcicus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列：

【0860】

【化387】

CGATCCTCTGTCCTCCTCTATTATTATTCGCTGCCAACTGTATTAATATTCAAGTCT
CTCTTTCTGTTTGTGTCTAACAGATTGAGTTGGTGCATTCTACTGGTGATCTTTGTT
TCCCCTCGGATCACATAACAATGCTGCAGTGGCAAGTGCACATTCGTCTGCATGTAAA
ACTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCCCTC (配列番号：386)

【0861】

翻訳：

【0862】

【化388】

NRLSWCIPTGDLCFPSDHIQCCSGKCTFVCM (配列番号：387)

【0863】

毒素配列：

【0864】

【化389】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Thr-Gly-Asp-Leu-Cys-Phe-Xaa3-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Gly-
Lys-Cys-Thr-Phe-Val-Cys-Met-^ (配列番号：388)

【0865】

名称：Mn6.3

種：monachus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0866】

【化390】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTCTCCGAAGGCACGTCA
 CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATCGAACAAGAGATATGAGTGCTATTCTA
 CTGGTACATTTTGTGGCATCAACGGAGGACTCTGCTGCAGCAACCTTTGCTTATTTTT
 CGTGTGCTTAACATTTTCGTGATGTCTTCTCCTCCCTC (配列番号 : 389)

【0867】

翻訳 :

【0868】

【化391】

MKLTMMIVAVLFLTAWTFVTADDSRNGLENLSPKARHEMKNPEASKSNKRYECYSF
 GTFCGINGGLCCSNLCLFFVCLTFS (配列番号 : 390)

【0869】

毒素配列 :

【0870】

【化392】

Xaa5-Xaa1-Cys-Xaa5-Ser-Thr-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Asn-Gly-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Asn-
 Leu-Cys-Leu-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-Thr-Phe-Ser-^ (配列番号 : 391)

【0871】

名称 : Sm6.5

種 : stercusmuscarum

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0872】

【化393】

ATGAAACTGACGTGCATGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCTGGACATTC
 GTCACAGCTGATGACTCCATAAATGGACCGGAGAATAGACGAATATGGGAGAAACT
 TTGTGTTGAAGGCACGTGACGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTCAATTGAGATGGT
 GCATTCCTAGTGGTGAACCTTTGTTTCCGCTCGGATCACATACAATGCTGCAGTGCCA
 AGTGCGCATTCTGCTTGCTTGTAAACTACCGTGATGTCTTCTCCTCCCATC
 (配列番号 : 392)

【0873】

翻訳：

【0874】

【化394】

MKLT CMMIVAVLFLTAWTFVTADDSINGPENRRIWEKLLLKARDEMKNPEASQLRWCI
 PSGELCFRSDHIQCCSAKCAFVCL (配列番号：393)

【0875】

毒素配列：

【0876】

【化395】

Xaa4-Cys-Ile-Xaa3-Ser-Gly-Xaa1-Leu-Cys-Phe-Arg-Ser-Asp-His-Ile-Gln-Cys-Cys-Ser-Ala-
 Lys-Cys-Ala-Phe-Val-Cys-Leu-^ (配列番号：394)

【0877】

名称：Sm6.6

種：stercusmuscarum

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0878】

【化396】

ATGAAACTGACGTGTGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGATCGCCTGGACATTC
 GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGAAGAATCTTTTCCGAAGGCACGTCAT
 GAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATTGAACAAGAGAGATGGGTGCTCTAGTGG
 TGGTACATTTTGTGGCATCCGTCCAGGACTCTGCTGCAGCGAGTTTGTCTTTCTTTGG
 TGCATAACATTTATTGATTGATGTCTTCTATTCCTC (配列番号：395)

【0879】

翻訳：

【0880】

【化397】

MKLTTCVMIVAVLFLIAWTFVTADDSRNLKLNLFKARHEMKNPEASKLNKRDCSSGG
TFCGIRPGLCCSEFCFLWCITFID (配列番号 : 396)

【0881】

毒素配列 :

【0882】

【化398】

Asp-Gly-Cys-Ser-Ser-Gly-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Arg-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Xaa1-
Phe-Cys-Phe-Leu-Xaa4-Cys-Ile-Thr-Phe-Ile-Asp-^ (配列番号 : 397)

【0883】

名称 : Sx6.5

種 : striolatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0884】

【化399】

ATGAAACTGACGTGCATAATGACCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCTTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTCTTCTGAAGACACGTCA
CGAAGTGGAAAACCCCAAAGCCTCTAGGTCGGGCGGTAGGTGCCGTCCTGGTGGTA
CGGTTTGTGGCTTTCGAAACCTGGACCATACTGCTGCAGTGGCTGGTGCTTTTTTGT
CTGCGCCTAAACCTGCCGTGATGTCTTCTCCTCCATC (配列番号 : 398)

【0885】

翻訳 :

【0886】

【化400】

MKLTTCIMTVAVLFLTAWTFVTADDSRNLNLLKTRHEVENPKASRSGGRCRPGGTV
CGFPKPGPYCCSGWCFFVCA (配列番号 : 399)

【0887】

毒素配列 :

【0888】

【化401】

Cys-Arg-Xaa3-Gly-Gly-Thr-Val-Cys-Gly-Phe-Xaa3-Lys-Xaa3-Gly-Xaa3-Xaa5-Cys-Cys-Ser-
Gly-Xaa4-Cys-Phe-Phe-Val-Cys-Ala-^ (配列番号：400)

【0889】

名称：Sx6.6

種：striolatus

単離：いいえ

クローニング：はい

DNA配列：

【0890】

【化402】

ATGAAACTGACGTGCGTGATGATCGTTGCTGTGCTGTTCTTGACTGCCTGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAAAAATGGACTGGAGAATCATTTTTGGAAGGCACGTGA
CGAAATGAAGAACC GCGAAGCCTCTAAATTGGACAAAAAGGAAGCCTGCTATCCGC
CTGGTACTTTTTGTGGCATAAAGCCCGGGCTATGCTGCAGTGAGTTGTGTTACCGG
CCGTCTGCGTCCGGTGGTAACTGCCGTGATGTCTTCTATTCCCCTC (配列番号：401)

【0891】

翻訳：

【0892】

【化403】

MKLTCVMIVAVLFLTAWTFVTADDSKNGLENHFWKARDEMKNREASKL DKKEACYP
PGTFCGIKPGLCCSELCLPAVCVGG (配列番号：402)

【0893】

毒素配列：

【0894】

【化404】

Xaa1-Ala-Cys-Xaa5-Xaa3-Xaa3-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Lys-Xaa3-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-
Xaa1-Leu-Cys-Leu-Xaa3-Ala-Val-Cys-Val-Gly-# (配列番号 : 403)

【0895】

名称 : Sx6.7

種 : striolatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0896】

【化405】

ATGAAACTGACGTGTCTGATGGCTGTTGCTGTGCTGTTCTTGACCGCCCGGACATTC
GTCACGGCTGATGACTCCAGAAATGGATTGGAGAATCTTTCTCCGAAGGCACGTCA
CGAAATGAAGAACCCCGAAGCCTCTAAATCGAACAAGAGATATGAGTGCTATTCTA
CTGGTACATTTTGTGGCATCAACGGAGGACTCTGCTGCAGCAACCTTTGCTTATTTTT
CGTGTGCTTAACATTTTCGTGATGTCTTCTATCCCCTC (配列番号 : 404)

【0897】

翻訳 :

【0898】

【化406】

MKLTCLMAVAVLFLTARTFVTADDSRNGLENLSPKARHEMKNPEASKSNKRYECYST
GTFCEGGLCCSNLCLFFVCLTFS (配列番号 : 405)

【0899】

毒素配列 :

【0900】

【化407】

Xaa5-Xaa1-Cys-Xaa5-Ser-Thr-Gly-Thr-Phe-Cys-Gly-Ile-Asn-Gly-Gly-Leu-Cys-Cys-Ser-Asn-
Leu-Cys-Leu-Phe-Phe-Val-Cys-Leu-Thr-Phe-Ser-^ (配列番号 : 406)

【0901】

名称 : Sx6.8

種 : striolatus

単離 : いいえ

クローニング : はい

DNA配列 :

【0902】

【化408】

ATGAAACTGACGTGTATGGTGATCGTCGCCGTGCTGCTCCTGACGACCTGTCATCTC
ATCACAGCTGATGACTCCAGAGGTACGCAGAAGCATCGTTCCTGAGGTCGACTAC
CAAAGTCTCCAAGTCGACTAGCTGCATGAAAGCCGGTCTTATTGCGTCGCTACTAC
GAGAATCTGCTGCGGTTATTGCGCTTATTTTCGGCAAAATATGTATTGGCTATCCCAA
AAACTGATCCTCCCCCTACTGTGCTCTATCCTTTTCTGCCTGATGTCTTCTCCTCCCC
TC (配列番号 : 407)

【0903】

翻訳 :

【0904】

【化409】

MKLTCMVIVAVLLLTTCHLITADDSRGTQKHRSLRSTTKVSKSTSCMKAGSYCVATTRI
CCGYCAYFGKICIGYPKN (配列番号 : 408)

【0905】

毒素配列 :

【0906】

【化410】

Ser-Thr-Ser-Cys-Met-Lys-Ala-Gly-Ser-Xaa5-Cys-Val-Ala-Thr-Thr-Arg-Ile-Cys-Cys-Gly-Xaa5-
Cys-Ala-Xaa5-Phe-Gly-Lys-Ile-Cys-Ile-Gly-Xaa5-Xaa3-Lys-Asn-^ (配列番号 : 409)

【0907】

X a a 1 は、 G l u または - カルボキシ - G l u

X a a 2 は、 G l n または ピロ - G l u

X a a 3 は、 P r o または ヒドロキシ - P r o

X a a 4 は、 T r p または プロモ - T r p

X a a 5は、Tyr、¹²⁵I - Tyr、モノ - ヨード - Tyr、ジ - ヨード - Tyr、O - スルホ - TyrまたはO - ホスホ - Tyr

X a a 6は、N l e

^は、遊離カルボキシルまたはアミド化のC末端、好ましくは、遊離カルボキシル、

#は、遊離カルボキシルまたはアミド化のC末端、好ましくは、アミド化である

。

【0908】

表2

コノトキシンペプチド配列の整列

【0909】

【表1】

δ-GmVIA [F15Y]	-VKPCRKEGQLCDPIYQN---CCRGWNC--VLF-CV^ (配列番号: 4)
δ-GmVIA [F27Y]	-VKPCRKEGQLCDPIFQN---CCRGWNC--VLY-CV^ (配列番号: 5)
Omaria9	M---CRREAQLCDPIFQN---CCHGLFC--VLV-CV^ (配列番号: 8)
Tx6.11	QVKPCRKEHQLCDLIFQN---CCRGWYC--VVLSC^ (配列番号: 11)
Om6.6	----CVPHEGPCNWLTON---CCSGYNC--IIFFL^ (配列番号: 14)
Da6.2	QVKPCRKEHQLCDLIFQN---CCRGWYC--LLRPCI^ (配列番号: 17)
Da6.6	-VKPCSEEGQLCDPLSQN---CCRGWNC--VLVSCV^ (配列番号: 22)
δ-TxVIA [M8J]	W---CKQSGEXCNLLDQN---CCDGY-C--IVLVCT^ (配列番号: 24)
Da6.4	----CLGGGEVCDIFFPQ---CC-GY-C--ILLFCT^ (配列番号: 37)
Gm6.5	----CRLGAESCDDVISQN---CCQGT-C--VFF-CLP^ (配列番号: 40)
Gm6.6	----CKQADESCNVFSLD---CCTGL-C--LGF-CVS^ (配列番号: 43)
Gm6.3	----CVPYEGPCNWLTON---CCDEL-C--VFF-CL^ (配列番号: 46)
M6.5	----CKQADEPCDVFSLE---CCTGI-C--LGF-CTW^ (配列番号: 49)
Om6.1	----CLAEHETCNIFTQN---CCEGV-C--IFI-CVQAPE^ (配列番号: 57)
Om6.3	----CIPHDFPCDPIRHT---CCFGL-C--LLIACI^ (配列番号: 60)
Om6.4	----CLGFGAECLILYSD---CC-GY-C--VGAI^ (配列番号: 63)
Au6.1	----CKAENELCNIFIQN---CCDGT-C--LLI-CIQNPQ^ (配列番号: 66)
Au6.2	----CLEFGEICNFFFPPT---CC-GY-C--VLLVCL^ (配列番号: 69)
Da6.5	----CAQSSLECDALDSD---CCSGV-C--MVFFCL^ (配列番号: 72)
Di6.4	----CLGFGAECLMLYSD---CC-SY-C--VGAVCL^ (配列番号: 75)
Pn6.3	----CLGFGEVNFFFPN---CC-SY-C--VALVCL^ (配列番号: 81)
Pn6.4	----CIPQDFPCDMVRHT---CCKGL-C--VLIACSKTA^ (配列番号: 84)
Pn6.7	----CKAEEACNIIITQN---CCDGK-C--LFF-CIQIPE^ (配列番号: 87)
Omaria3	----CIDGGEICDIFFPN---CCSGW-C--IILVCA^ (配列番号: 90)
Omarial	----CLDGGEICGILFPS---CCSGW-C--IVLVCA^ (配列番号: 93)
Marm7	----CLEFGEVCFNFFFPPT---CC-GY-C--VLLVCL^ (配列番号: 96)
Marm12	----CQEFGEVCFNFFFPD---CC-GY-C--VLLLCI^ (配列番号: 99)
Omaria7	----CIPHDFPCDPIRHT---CCFGL-C--LLIACI^ (配列番号: 102)
Omarial1	----CLEFGEVCFNFFFPPT---CC-GY-C--VLLVCL^ (配列番号: 105)
O6.5	SKKQCRQNGEVCDANLAH---CCSGP-C--FLF-CLNQP^ (配列番号: 108)
Af6.8	----CTQSGELCDVIDPD---CCNFC-C--IIFFCI^ (配列番号: 111)
KK-2A	----CAPFLHLCTFFFPN---CCNGY-C--VQFICL^ (配列番号: 114)
KKM1	----CLDAGEMCDLFSNK---CCSGW-C--IILFCA^ (配列番号: 117)
KKM4	----CLDGGEICGILFPS---CCSGW-C--IVLVCA^ (配列番号: 120)
KKM5	----CPNTGELCDVVEQN---CCYTY-C--FIVVCP^ (配列番号: 123)
KKM6	-DDECEPPGDFCGFFKIGP-PCCSGW-C--FLW-CA^ (配列番号: 126)
C. striatus S2	-DDECEPPGDFCGFFKIGP-PCCSGW-C--FLW-CA^ (配列番号: 129)
Om6.5	-DDDCEPPGNFCGMIKIGP-PCCSGW-C--FFA-CA^ (配列番号: 132)
Au6.3	-DYDCEPPGNFCGMIKIGP-PCCSGW-C--FFA-CA^ (配列番号: 135)
Marm9	-DDDCEPPGNFCGMIKIGP-PCCSGW-C--FFA-CA^ (配列番号: 138)
Rg6.4	-D--CLSKNAFCAWPILGP-LCCSGW-C--LYV-CM^ (配列番号: 141)
R6.5	-GDDCLAVKKNCGFPKLG-LCCSGW-C--FFV-CA^ (配列番号: 144)
Rg6.2	D--CLPRDTFCALPQLGL-LCCSGR-C--LLF-CV^ (配列番号: 147)
A6.5	-DG-CSNAGATFCG---IHPGLCCSEI-C--IVW-CT^ (配列番号: 150)
δ-PVIA [F9A]	-EA-CYAOGTACG---IKOGLCCSEF-C--LPGVCFG^ (配列番号: 154)
δ-PVIA [I12A]	-EA-CYAOGTFCG---AKOGLCCSEF-C--LPGVCFG^ (配列番号: 155)
δ-PVIA [T8A]	-EA-CYAOGATFCG---IKOGLCCSEF-C--LPGVCFG^ (配列番号: 156)
M6.3	-DG-CYNAGTFCG---IRPGLCCSEF-C--FLW-CITFVDS# (配列番号: 159)
M6.6	-DE-CYPPGTFCG---IKPGLCCSAI-C--LSFVCISF-DF^ (配列番号: 162)
M6.7	-EA-CYNAGSFCG---IHPGLCCSEF-C--ILW-CITFVDS# (配列番号: 165)
M6.8	-EA-CYNAGTFCG---IKPGLCCSAI-C--LSFVCISF-DF^ (配列番号: 168)

【表2】

E6.4	-EA-CYPPGTFCG---IKPGLCCSEL-C--LPAVCVG# (配列番号: 171)
P6.4	-EA-CYPPGTFCG---IKPGLCCSEL-C--LPAVCVG# (配列番号: 174)
δ-SVIE [D1E]	-EG-CSSGGTFCG---IHOGGCCSEF-C--FLW-CITFID^ (配列番号: 177)
C6.2	-YG-CSNAGAFCG---IHPGLCCSEL-C--LVW-CT^ (配列番号: 184)
C6.3	-YG-CSNAGAFCG---IHPGLCCSEL-C--LGW-CT^ (配列番号: 187)
Di6.3	-YE-CYLLVHFCG---INGGLCCSNL-C--LFFVCLTFS^ (配列番号: 190)
Rg6.1	-D--CLPDYTICA---FNMGLCCSDK-C--MLV-CLP^ (配列番号: 193)
Rg6.3	-II-CFPDYMFCG---VNVFLCCSGN-C--LLI-CVP^ (配列番号: 196)
Gm6.2	----CYDGGTGCD---SGNQCCSGW-C--IFA-CL^ (配列番号: 199)
Da6.1	----CYDGGTGCD---SGNQCCSGW-C--IFV-CL^ (配列番号: 202)
Pn6.6	----CFESWVACE---SPKRCCSHV-C--LFV-CT^ (配列番号: 205)
Di6.5	----CNEAQEHCT---QNPDCSES-CNKFVGRCLS--D^ (配列番号: 208)
Af6.10	----CYDGGTSCN---TGNQCCSGW-C--IFL-CL^ (配列番号: 211)
Tx6.10	----CYDSGTSCN---TGNQCCSGW-C--IFV-SCL^ (配列番号: 214)
Gm6.4	-D--CQALWDYCPVPLLSGGCCYGLIC--GPFVCIGW^ (配列番号: 217)
Om6.2	KT--CQRRWDFCPGSLVGVITCCGGLIC--FLFFCV^ (配列番号: 220)
Da6.3	-D--CQEKWDYCPVPFLGSRVCCDGFIC--PSFFCA^ (配列番号: 223)
Da6.7	-D--CQGEWBFICVPLVLFVYCCPWLIC--GPFVCVDI^ (配列番号: 226)
Pn6.5	-G--CLEVDYFCGIPFVNGLCCSGN-C--VFV-C--TPQ# (配列番号: 229)
Marm6	----CLNVDYFCGIPFVNGLCCSGN-C--VFV-C--TPQ# (配列番号: 232)
Marm15	-E--CLEADYCVLPFVGNMCCSGI-C--VFV-CIAQREKTV^ (配列番号: 235)
Marm10	-D--CLEPDYVCGIPFVFNGLCCSGI-C--VFI-CIAQKY^ (配列番号: 238)
Marm14	-A--CSKKWEYCIVPILGFVYCCPGLIC--GPFVCV^ (配列番号: 241)
Omarial4	-D--CLNVDYFCGIPFVNGLCCSGN-C--VF--CLHTPREVKLP^ (配列番号: 244)
O6.4	----CLVYGTPCDWLTIAGMECCSKK-C--FMM-CW^ (配列番号: 247)
R6.4	-D--CHEVGEFCGLPLIKNGLCCSQI-C--LGV-CAKVF^ (配列番号: 250)
R6.6	-E--CTANGFCGIVSFGSYLCCSGR-C--VFV-CI^ (配列番号: 253)
R6.7	-E--CTTNGFCGIVSFFASFLCCSGL-C--VFV-CI^ (配列番号: 256)
R6.8	-K--CFPKNHFCGFVVMLNYLCCSGR-C--IFV-CV^ (配列番号: 259)
Rg6.5	-S--CLPLDWFCCGFIIGAFLLCCSGY-C--LVV-CM^ (配列番号: 262)
De6.2	-D--CIPGGENC--DVFRPYRCCSGY-C--ILLCA^ (配列番号: 265)
Striat21	-LRWCIPSGELC--FRSDHIQCCSGK-C--AFV-CL^ (配列番号: 268)
δStriatus 26	---WCIPSGDLC--FRSDHIQCCSGK-C--AFV-CL^ (配列番号: 271)
δStriatus 106	---WCIPSGDLC--FRSDHIQCCSGK-C--AFV-CL^ (配列番号: 274)
O6.3	-LRWCVPSEVVC--RRYEVGCCSGK-C--FFV-CS^ (配列番号: 277)
R6.3	----CLPDGTSC---LFSRIKCC-GT-CSSILKSCVS^ (配列番号: 280)
Ak6.1 (F763)	----CRPRGMFCGFPKPGPY-CCNGW-CF--FV-CI^ (配列番号: 328)
Ar6.11 (G21)	----CLEKGVLCD--PSAGN-CCSGE-CV--LV-CL^ (配列番号: 307)
Ar6.12 (G20)	-E--CVAGSHFCGFPKIGGP-CCSGW-CF--FV-CL^ (配列番号: 310)
Ar6.5 (F008)	-D--CRPVGQYCGIPYKHNWRCCSQL-CA--II-CVS^ (配列番号: 304)
Ca6.5 (G211)	----CVDPGFCG--PGFGD-CCTGF-CL--LV-CI^ (配列番号: 322)
Ep6.1 (J425)	----CLGFGEACL--MLYSD-CCS-Y-CV-ALV-CL^ (配列番号: 340)
Ep6.2 (J424)	-G--CLAVDYFCGIPFVSNGLCCSGN-CV--FV-CTPQ# (配列番号: 343)
G6.3	-DDECEPPGDFCGFFKIGPP-CCSGW-CF--LW-CA^ (配列番号: 283)
Ge6.1 (G18)	-G--CLDPGYFCGTFPLGAY-CCGGI-CL--IV-CIET^ (配列番号: 337)
Im6.1 (F076)	Q---CRVEGEICGML-FAEQ-CCDGW-CF--FV-CM^ (配列番号: 319)
Lp6.5 (A667)	-A--CVELGELCATGFFLDEECCTGS-CH--VF-CVL^ (配列番号: 292)
Lv6.1 (F775)	----CPNTGELCDV--VEQN-CCYTY-CF-IVV-CL^ (配列番号: 331)
Mf6.2 (G218)	----CLPNGVLCDL--GSPPYCCSGW-CA-IVV-CI^ (配列番号: 325)
Mr6.4 (A666)	----CPNTGELCDV--VEQN-CCYTY-CF-IVV-CL^ (配列番号: 295)
Pu6.3 (F770)	----CVEDGDFCG--PGYEE-CCSGF-CL--YV-CI^ (配列番号: 334)
Qc6.1	----CAAAGEACVIPIIGNVFCCKGY-CL--FV-CIS^ (配列番号: 289)
Qc6.2 (F024)	-DGDCVDGGEFCGFPKIGGP-CCSGW-CF--FV-CL^ (配列番号: 298)
Qc6.3 (F026)	-D--CQDSGVVCGFPKPEPH-CCSGW-CL--FV-CA^ (配列番号: 301)
Ts6.2 (F078)	-D--CWPQYWFCCGLQRG----CCPGTTCF--FL-CF^ (配列番号: 313)
Ts6.4 (F080)	---WCALDGELCIIIPVIGSIFCCHGI-CM--IY-CV^ (配列番号: 316)
Ac6.1	W---CIPRGDLC-FPSDRIQ-CCSGK-CTF---VCM^ (配列番号: 346)
Ac6.2	-G--CVPSGEIC-YFMDHIG-CCSGK-CTF---VCM^ (配列番号: 349)
Bu6.7	-DE-CSAPGAFCL--IRPGL-CCSEF-C-FF--ACF^ (配列番号: 352)
Bu6.8	-G--CLPRWEFC-PIFKKND-CCSGI-CIS---ICL^ (配列番号: 355)
Cn6.10	-DG-CYNAGTFCG--IRPGL-CCSEF-C-FL--WCITFVDS# (配列番号: 364)

【表3】

Cn6.9	-YE-CYSTGTFCG--INGGL-CCSNL-CLFF--VCLTFS^ (配列番号: 361)
Cr6.5	W---CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCSAK-CAF---VCL^ (配列番号: 370)
Cr6.5A	----CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCSAK-CAF---VCL^ (配列番号: 373)
Cr6.6	----CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCNAK-CAF---VCL^ (配列番号: 367)
Cr6.6A	----CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCNAE-CAF---VCL^ (配列番号: 376)
Cr6.5B	W---CIPSGDLC-FPSDHIR-CCSAK-CAF---VCL^ (配列番号: 379)
Cr6.6B	----CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCNAK-CAF---ACL^ (配列番号: 382)
Cr6.6C	W---CIPSGDLC-FPSDHIQ-CCNAK-CAF---VCL^ (配列番号: 285)
Cr6.7	W---CIPTGDLC-FPSDHIQ-CCSGK-CTF---VCM^ (配列番号: 388)
Mn6.3	-YE-CYSTGTFCG--INGGL-CCSNL-CLFF--VCLTFS^ (配列番号: 391)
Sm6.5	W---CIPSGELC-FRSDHIQ-CCSAK-CAF---VCL^ (配列番号: 394)
Sm6.6	-DG-CSSGGTFCG--IRPGL-CCSEF-C-FL--WCITFID^ (配列番号: 397)
Sx6.4	-D--CLAKDAFCAWPILGPL-CCSRL-CLY---VCM^ (配列番号: 358)
Sx6.5	----CRPGGTVCGFPGPY-CCSGW-CFF---VCA^ (配列番号: 400)
Sx6.6	-EA-CYPPGTFCG--IKPGL-CCSEL-CLPA--VCVG# (配列番号: 403)
Sx6.7	-YE-CYSTGTFCG--INGGL-CCSNL-CLFF--VCLTFS^ (配列番号: 406)
Sx6.8	STS-CMKAGSYCVATTR--I-CC-GY-CAYFGKICIGYPKN^ (配列番号: 409)

XはN1e

【0910】

本発明の方法および組成物は、様々な具体例の形態において組込むことができ、そのいくつかだけを本明細書に開示すると認められるであろう。他の具体例が存在し、それは本発明の精神から逸脱しないことは当業者には明らかであろう。かくして、記載された具体例は例示であり、制限として構成されるべきものではない。

【0911】

参考文献リスト

- Barnay, G.ら (2000). J. Med. Chem.
- Bitan, G.ら (1997). J. Peptide Res. 49: 421-426.
- Bodanskyら (1966). Chem. Ind. 38: 1597-98.
- Cartier, G. E.ら (1996). J. Biol. Chem. 271: 7522-7528.
- Cornell-Bell, A. H.ら (1999). Kainate spiral waves and integrins: A signaling system without gap junctions. *Glia*, 印刷中.
- Craik, D. J.ら (2001). *Toxicon* 39: 43-60.
- Cruz, L. J.ら (1976). *Verliger* 18: 302-308.
- Ettinger, L. J.ら (1978). *Cancer* 41: 1270-1273.
- Fainzilber, M.ら (1991). *Eur. J. Biochem.* 202: 589-595.
- Fainzilber, M.ら (1995). *J. Biol. Chem.* 270: 1123-1129.
- Hammerlandら (1992). *Eur. J ; Pharmacol.* 226: 239-244.

- Hillyard, D. R. (1989). *Biochemistry* 28: 358-361.
- Horiki, K. (1978). *Chemistry Letters* 165-68.
- Hubry, V. (1994). *Reactive Polymers* 22: 231-241.
- Kapoor (1970). *J. Pharm. Sci.* 59: 1-27.
- Kornreich, W. D. (1986). 米国特許第4, 569, 967号.
- Luer, M. S. & Hatton, J. (1993). *Annals Pharmacotherapy* 27: 912-921.
- Martinez, J. S. (1995). *Biochem.* 34: 14519-14526.
- McIntosh, J. M. (1982). *Arch. Biochem. Biophys.* 218: 329-334.
- McIntosh, J. M. (1998). *Methods Enzymol.* 294: 605-624.
- Methoden der Organischen Chemie (Houben-Weyl): Synthese von Peptiden, E. Wunsch (編), Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Ger. (1974).
- Myers, R. A. (1991). *Biochemistry* 30: 9370-9377.
- Nakamura, T. (1996). *Protein Sci.* 5: 524-530.
- Nishiuchi, Y. (1993). Synthesis of gamma-carboxyglutamic acid-containing peptides by the Boc strategy. *Int. J. Pept. Protein Res.* 42: 533-538.
- Nowak, L. (1984). *Nature* 307: 462-465.
- Olivera, B. M. (1984). 米国特許第4, 447, 356号.
- Olivera, B. M. (1985). *Science* 230: 1338-1343.
- Olivera, B. M. (1990). *Science* 249: 257-263.
- Olivera, B. M. (1996). 米国特許第5,514,774号.
- Ornstein, (1993). *Biorganic Medicinal Chemistry Letters* 3: 43-48.
- Plone, M. A. (1996). *Pain* 66: 265-70.
- Plummer, J. L. (1991). *J Pharmacol Methods* 26: 79-87.
- Rivier, J. R. (1978). *Biopolymers* 17: 1927-38.
- Rivier, J. R. (1987). *Biochem.* 26: 8508-8512.
- Sambrook, J. (1989). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 第2版, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.
- Schroder & Lubke (1965). *The Peptides* 1: 72-75, Academic Press, NY.
- Shon, K.-J. (1994). *Biochemistry* 33: 11420-11425.

StewartおよびYoung, Solid-Phase Peptide Synthesis, Freeman & Co., San Francisco, CA (1969).

Suh, H. H.ら (1992). Eur J Pharmacol 213: 337-41.

Valeら (1978). 米国特許第4,105,603号.

Van de Steen, P.ら (1998). Critical Rev. in Biochem. and Mol. Biol. 33: 151-208.

Woolfe, G.およびMacDonald, A. (1944). J. Pharmacol. Exp. Ther. 80: 300-307.

Zafaralla, G. C.ら (1988). Biochemistry 27: 7102-7105.

Zhou L. M.,ら (1996). J. Neurochem. 66: 620-628.

Zimm, S.ら (1984). Cancer Res. 44: 1698-1701.

米国特許第3,972,859号.

米国特許第3,842,067号.

米国特許第3,862,925号.

米国特許第5,514,774号.

米国特許第5,531,001号.

米国特許第5,534,615号.

米国特許第5,364,769号.

米国特許第5,545,723号.

米国特許第5,550,050号.

米国特許第5,591,821号.

米国特許第5,719,264号.

米国特許第5,844,077号.

P C T 公開出願WO 92/19195.

P C T 公開出願WO 94/25503.

P C T 公開出願WO 95/01203.

P C T 公開出願WO 95/05452.

P C T 公開出願WO 96/02286.

P C T 公開出願WO 96/02646.

P C T 公開出願WO 96/11698.

P C T 公開出願WO 96/40871.

P C T 公開出願WO 96/40959.

P C T 公開出願WO 97/12635.

P C T 公開出願WO 98/03189.

P C T 公開出願WO 00/23092.

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> University of Utah Research Foundation
 Cognetix, Inc.
 Olivera, Baldomero M.
 Cartier, G. Edward
 Watkins, Maren
 Hillyard, David R.
 McIntosh, J. Michael
 Layer, Richard T.
 Jones, Robert M.

<120> O-Superfamily Conotoxin Peptides

<130> 2314-227

<150> US 60/243,412
 <151> 2000-10-27

<150> US60/219,440
 <151> 2000-07-20

<150> US 60/214,263
 <151> 2000-06-26

<150> US 60/173,754
 <151> 1999-12-30

<160> 409

<170> PatentIn version 3.0

<210> 1
 <211> 261
 <212> DNA
 <213> Conus gloriamaris

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(231)

<400> 1
 atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc gga aat gga atg gag att ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Met Glu Ile Leu
 20 25 30
 ttt ccg aag gcg ggt cac gaa atg gag aac ctc gaa gtc tct aat cgg 144
 Phe Pro Lys Ala Gly His Glu Met Glu Asn Leu Glu Val Ser Asn Arg
 35 40 45
 gtc aag ccg tgc cgt aaa gaa ggt caa ctt tgt gat ccg ata ttt caa 192
 Val Lys Pro Cys Arg Lys Glu Gly Gln Leu Cys Asp Pro Ile Phe Gln
 50 55 60
 aac tgc tgc cgt ggc tgg aat tgc gtt ctt ttc tgc gtc tgaactacc 241
 Asn Cys Cys Arg Gly Trp Asn Cys Val Leu Phe Cys Val
 65 70 75
 gtgatgtctt ctctcccctc 261

<210> 2
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Conus gloriamaris

<400> 2

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Met Glu Ile Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Ala Gly His Glu Met Glu Asn Leu Glu Val Ser Asn Arg
 35 40 45

Val Lys Pro Cys Arg Lys Glu Gly Gln Leu Cys Asp Pro Ile Phe Gln
 50 55 60

Asn Cys Cys Arg Gly Trp Asn Cys Val Leu Phe Cys Val
 65 70 75

<210> 3
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus gloriamaris

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 3 and 13 may be pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 22 may be Trp or bromo-Trp

<400> 3

Val Lys Xaa Cys Arg Lys Xaa Gly Gln Leu Cys Asp Xaa Ile Phe Gln
 1 5 10 15

Asn Cys Cys Arg Gly Xaa Asn Cys Val Leu Phe Cys Val
 20 25

<210> 4
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus gloriamaris

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 3 and 13 may be pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 15 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 22 may be Trp or bromo-Trp

<400> 4

Val Lys Xaa Cys Arg Lys Xaa Gly Gln Leu Cys Asp Xaa Ile Xaa Gln
1 5 10 15

Asn Cys Cys Arg Gly Xaa Asn Cys Val Leu Phe Cys Val
20 25

<210> 5
<211> 29
<212> PRT
<213> Conus gloriamaris

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(29)
<223> Xaa at residues 3 and 13 may be pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue
e 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 22 may be Trp
or bromo-Trp; Xaa at residue 27 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo
-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospno-Tyr

<400> 5

Val Lys Xaa Cys Arg Lys Xaa Gly Gln Leu Cys Asp Xaa Ile Phe Gln
1 5 10 15

Asn Cys Cys Arg Gly Xaa Asn Cys Val Leu Xaa Cys Val
20 25

<210> 6
<211> 542
<212> DNA
<213> Conus omaria

<220>
<221> CDS
<222> (146)..(235)

<400> 6

```

gaagctggta cgctgcagg taccggtcgg gaattcccgg gtgcacatca tcatcatoga      60
tccatctgtc catcatcca ttcattcatt cgctgccaga ctataataaa cattcaagtc      120
tctctttttt tttgtgtctg acaga tgc atc agg atg tgc cgt aga gaa gct      172
                Ser Ile Arg Met Cys Arg Arg Glu Ala
                1                5
caa ctt tgt gat ccg att ttt caa aac tgc tgc cat ggc ttg ttt tgc      220
Gln Leu Cys Asp Pro Ile Phe Gln Asn Cys Cys His Gly Leu Phe Cys
10                15                20                25
ggt ttg gtc tgc gtc taaaactacc gtgatgtctt ctctcccct ctagtagtag      275
Val Leu Val Cys Val
                30
taggcggccg ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg catgcgacgt catagctctt      335
ctatagtgtc acctaaattc aattcaotgg ccgtcgtttt acaacgtcgt gactgggaaa      395
accctggcgt taccocactt aatgccttg cagcacatcc ccctttcgcc agctggcgta      455
atagcgaaga ggccgcacc gatgcacctt cccaacagtt ggcagcctg aatggogaat      515
gggacgcgcc ctgtagcggc gcattat      542

```

<210> 7
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 7

Ser Ile Arg Met Cys Arg Arg Glu Ala Gln Leu Cys Asp Pro Ile Phe
 1 5 10 15

Gln Asn Cys Cys His Gly Leu Phe Cys Val Leu Val Cys Val
 20 25 30

<210> 8
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 5 is Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 11 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 8

Met Cys Arg Arg Xaa Ala Gln Leu Cys Asp Xaa Ile Phe Gln Asn Cys
 1 5 10 15

Cys His Gly Leu Phe Cys Val Leu Val Cys Val
 20 25

<210> 9
 <211> 346
 <212> DNA
 <213> Conus textile

<220>
 <221> CDS
 <222> (25)..(315)

<400> 9

ggcattacct aaaacatcac caag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt 51
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val
 1 5

gct gtg ctg ttc ttg acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc 99
 Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser
 10 15 20 25

aga aat gga atg gag aat ctt ttt ccg aag gca ggt cac gaa atg gag 147
 Arg Asn Gly Met Glu Asn Leu Phe Pro Lys Ala Gly His Glu Met Glu
 30 35 40

aac ctc gaa gac tct aaa cac agg cac cag gag aga ccg gac acc ggc 195
 Asn Leu Glu Asp Ser Lys His Arg His Gln Glu Arg Pro Asp Thr Gly
 45 50 55

gac aaa gaa gag atg ctg cta cag aga cag gtc aag ccg tgt cgt aaa 243

Asp Lys Glu Glu Met Leu Leu Gln Arg Gln Val Lys Pro Cys Arg Lys
 60 65 70
 gaa cat caa ctt tgt gat ctg att ttt caa aac tgc tgc cgt ggc tgg 291
 Glu His Gln Leu Cys Asp Leu Ile Phe Gln Asn Cys Cys Arg Gly Trp
 75 80 85
 tat tgc gtt gtt ctg tct tgc act tgaagctac ctgatgtgtt ctactcccat 345
 Tyr Cys Val Val Leu Ser Cys Thr
 90 95
 c 346

<210> 10
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<400> 10

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

Thr

<210> 11
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(31)
 <223> Xaa at residue 1 may be Gln or pyro-Glu; Xaa at residue 4 may be
 Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 23 may be Trp or bromo-Trp; Xa
 a at residue 24 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr
 , O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 11

Xaa Val Lys Xaa Cys Arg Lys Xaa His Gln Leu Cys Asp Leu Ile Phe
1 5 10 15

Gln Asn Cys Cys Arg Gly Xaa Xaa Cys Val Val Leu Ser Cys Thr
20 25 30

<210> 12
<211> 265
<212> DNA
<213> Conus omaria

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(234)

<400> 12
atg aaa ctg acg tgc ctg atg atc gtt gcc gtg ctg tcc ttg acc ggc 48
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Ser Leu Thr Gly
1 5 10 15
tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tct gga aat gga ttg ggg aat ctt 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Gly Asn Leu
20 25 30
ttt tgc aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
aac aag agg tgc gtt cca cac gag ggc cct tgt aat tgg ctt aca caa 192
Asn Lys Arg Cys Val Pro His Glu Gly Pro Cys Asn Trp Leu Thr Gln
50 55 60
aac tgc tgc agt ggt tat aat tgc atc att ttt ttc tgc cta 234
Asn Cys Cys Ser Gly Tyr Asn Cys Ile Ile Phe Phe Cys Leu
65 70 75
taaaactacc gtgatgtctt ctcttcccct c 265

<210> 13
<211> 78
<212> PRT
<213> Conus omaria

<400> 13
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Ser Leu Thr Gly
1 5 10 15
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Gly Asn Leu
20 25 30
Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
Asn Lys Arg Cys Val Pro His Glu Gly Pro Cys Asn Trp Leu Thr Gln
50 55 60
Asn Cys Cys Ser Gly Tyr Asn Cys Ile Ile Phe Phe Cys Leu

<210> 16
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<400> 16

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

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

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Leu Glu Asp Ser Lys His
 35 40 45

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

Gln Arg Gln Val Lys Pro Cys Arg Lys Glu His Gln Leu Cys Asp Leu
 65 70 75 80

Ile Phe Gln Asn Cys Cys Arg Gly Trp Tyr Cys Leu Leu Arg Pro Cys
 85 90 95

Ile

<210> 17
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 1 may be Gln or pyro-Glu; Xaa at residues 4 and 29
 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 8 may be Glu or gamma-
 carboxy-Glu ; Xaa at residue 23 may be Trp or bromo-Trp;

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 24 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr,
 O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 17

Xaa Val Lys Xaa Cys Arg Lys Xaa His Gln Leu Cys Asp Leu Ile Phe
 1 5 10 15

Gln Asn Cys Cys Arg Gly Xaa Xaa Cys Leu Leu Arg Xaa Cys Ile
 20 25 30

<210> 18

<211> 321
 <212> DNA
 <213> Conus dalli

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(291)

<400> 18

```

atg aaa ctg acg tgt atg ctg atc att gct gtg ctg ttc ttg acc gcc      48
Met Lys Leu Thr Cys Met Leu Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1                               5                               10          15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc gga aat gga atg gag aat ctt      96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Met Glu Asn Leu
                               20          25          30

ttt ccg aag gca cgt cac gaa atg gag aac ctc gaa gac tct aaa cac      144
Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Leu Glu Asp Ser Lys His
                               35                               40          45

agg cac cag gag aga ccg gac acg ggc gac aaa gaa gag atg ctg cta      192
Arg His Gln Glu Arg Pro Asp Thr Gly Asp Lys Glu Glu Met Leu Leu
                               50          55          60

cag aga cgg gtc aag ccg tgc agt gaa gaa ggt caa ctt tgt gat cca      240
Gln Arg Arg Val Lys Pro Cys Ser Glu Glu Gly Gln Leu Cys Asp Pro
65                               70          75          80

ctt tct caa aac tgc tgc cgt ggc tgg cat tgc gtt ctt gtc tct tgc      288
Leu Ser Gln Asn Cys Cys Arg Gly Trp His Cys Val Leu Val Ser Cys
                               85          90          95

gtc tgaactaac gtgatgttctt ctctcccatc      321
Val
  
```

<210> 19
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<400> 19

```

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

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

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Leu Glu Asp Ser Lys His
35          40          45

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

Gln Arg Arg Val Lys Pro Cys Ser Glu Glu Gly Gln Leu Cys Asp Pro
65          70          75          80
  
```

Leu Ser Gln Asn Cys Cys Arg Gly Trp His Cys Val Leu Val Ser Cys
 85 90 95

Val

<210> 20

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus dalli

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residues 3 and 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 6 and 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 22 may be Trp or bromo-Trp

<400> 20

Val Lys Xaa Cys Ser Xaa Xaa Gly Gln Leu Cys Asp Xaa Leu Ser Gln
 1 5 10 15

Asn Cys Cys Arg Gly Xaa His Cys Val Leu Val Ser Cys Val
 20 25 30

<210> 21

<211> 406

<212> DNA

<213> Conus textile

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(247)

<400> 21

aaacatcgcc aag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg 49
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu
 1 5 10

ttc ttg acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga 97
 Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly
 15 20 25

ttg ggg aat ctt ttt tog aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa 145
 Leu Gly Asn Leu Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu
 30 35 40

gcc tct aaa ttg aac aag agg tgg tgc aaa caa agc ggt gaa atg tgt 193
 Ala Ser Lys Leu Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys
 45 50 55 60

aat ttg tta gac caa aac tgc tgc gac ggc tat tgc ata gta ctt gtc 241
 Asn Leu Leu Asp Gln Asn Cys Cys Asp Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val
 65 70 75

tgc aca taaaactgcc gtgatgtett ctcttcccct ctgtgctacc tggcttgatc 297
 Cys Thr

tttgattggc gcggtgctgt cactggttat gaaccccccc cccccccccc cccccccct 357
 tccggtctctc tggaggcctc gggggttcaa catccaaata aagtgacag 406

<210> 22
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<400> 22

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60

Gln Asn Cys Cys Asp Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75

<210> 23
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 7 may be
 Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 20 may be Tyr, 125-I-Ty
 r, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 23

Xaa Cys Lys Gln Asp Gly Xaa Met Cys Asn Leu Leu Asp Gln Asn Cys
 1 5 10 15

Cys Asp Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 20 25

<210> 24
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 7 may be
 Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 9 is Nle; Xaa at residue
 20 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-T

yr or O-phospho-Tyr

<400> 24

Xaa Cys Lys Gln Asp Gly Xaa Xaa Cys Asn Leu Leu Asp Gln Asn Cys
 1 5 10 15

Cys Asp Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 20 25

<210> 25

<211> 265

<212> DNA

<213> Conus magus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(234)

<400> 25

atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg ggg aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

ttt tgg aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgg tgc aaa caa agc ggt gaa atg tgt aat ttg tta gac 192
 Asn Lys Arg Trp Cys Lys Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60

caa aac tgc tgc gac ggc tat tgc ata gta ctt gtc tgc aca 234
 Gln Asn Cys Cys Asp Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75

taaaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct c 265

<210> 26

<211> 78

<212> PRT

<213> Conus magus

<400> 26

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

ttt tcg aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgg tgc aaa caa agc ggt gaa atg tgt aat ttg tta gac 192
 Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60

caa aac tgc tgc gac ggc tat tgc ata gta ctt gtc tgc aca 234
 Gln Asn Cys Cys Asp Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75

taaaactgccc gtgatgtctt ctccctcccct c 265

<210> 30
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Conus distans

<400> 30

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60

Gln Asn Cys Cys Asp Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75

<210> 31
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus distans

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 7 may be
 Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 20 may be Tyr, 125-I-Ty
 r, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 31

Xaa Cys Lys Gln Ser Gly Xaa Met Cys Asn Leu Leu Asp Gln Asn Cys
 1 5 10 15

Cys Asp Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Thr

20 25

<210> 32
 <211> 265
 <212> DNA
 <213> *Conus ammiralis*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(234)

<400> 32
 atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg ggg aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30
 ttt tgc aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 aac aag agg tgg tgc aaa caa agc ggt gaa atg tgt aat ttg tta gac 192
 Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60
 caa aac tgc tgc gag ggc tat tgc ata gta ctt gtc tgc aca 234
 Gln Asn Cys Cys Glu Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75
 taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct c 265

<210> 33
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> *Conus ammiralis*

<400> 33
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Trp Cys Lys Gln Ser Gly Glu Met Cys Asn Leu Leu Asp
 50 55 60
 Gln Asn Cys Cys Glu Gly Tyr Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 65 70 75

<210> 34
 <211> 27

<212> PRT
 <213> *Conus ammiralis*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 7 and 18 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 20 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 34

Xaa Cys Lys Gln Ser Gly Xaa Met Cys Asn Leu Leu Asp Gln Asn Cys
 1 5 10 15

Cys Xaa Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Thr
 20 25

<210> 35
 <211> 256
 <212> DNA
 <213> *Conus dalli*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(225)

<400> 35

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

ttt ttg aag gca cat cac gaa atg aac ccc gaa gcc tct aag ttg aat 144
 Phe Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu Asn
 35 40 45

gag agg tgc ctt ggt ggt ggt gaa gtt tgt gat atc ttt ttt cca caa 192
 Glu Arg Cys Leu Gly Gly Gly Glu Val Cys Asp Ile Phe Phe Pro Gln
 50 55 60

tgc tgt ggc tat tgc att ctt ctt ttc tgc aca taaaactacc gtgatgtctt 245
 Cys Cys Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Phe Cys Thr
 65 70 75

ctctctccct c 256

<210> 36
 <211> 75
 <212> PRT
 <213> *Conus dalli*

<400> 36

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu Asn
35 40 45

Glu Arg Cys Leu Gly Gly Gly Glu Val Cys Asp Ile Phe Phe Pro Gln
50 55 60

Cys Cys Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Phe Cys Thr
65 70 75

<210> 37
<211> 25
<212> FRT
<213> *Conus dalli*

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(25)
<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-I-
Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 37

Cys Leu Gly Gly Gly Xaa Val Cys Asp Ile Phe Phe Xaa Gln Cys Cys
1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Leu Leu Phe Cys Thr
20 25

<210> 38
<211> 441
<212> DNA
<213> *Conus gloriamaris*

<220>
<221> CDS
<222> (70)..(300)

<400> 38
gcttgcaagg tgaatttggc ttacagttt tccactgtcg tctttggcat catctgaaac 60

atcgccaag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg 111
Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg ggg 159
Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly
15 20 25 30

aat att ttt tog aat gca cat cac gaa atg aag aat ccc gaa gcc tct 207
Asn Ile Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
35 40 45

aaa ttg aac aag agg tgc cgt cta ggg gct gaa agt tgt gat gta att 255
Lys Leu Asn Lys Arg Cys Arg Leu Gly Ala Glu Ser Cys Asp Val Ile
50 55 60

```

tca caa aac tgc tgc caa ggc acg tgc gtt ttt ttc tgc tta cca      300
Ser Gln Asn Cys Cys Gln Gly Thr Cys Val Phe Phe Cys Leu Pro
      65                                70                                75

tgatgtcttc tattctcctc tgtgtacct ggcttgatct ttcattagcg cgtgcctttc      360
actgggtatg aacccccctga tccgactctc tggcagcctc gggggttcaa catccaaata      420
aaacgacagc acaatgacaa a                                             441

```

```

<210> 39
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus gloriamaris

```

```
<400> 39
```

```

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

```

```

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Ile
                                20                                25                                30

```

```

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
                                35                                40                                45

```

```

Asn Lys Arg Cys Arg Leu Gly Ala Glu Ser Cys Asp Val Ile Ser Gln
50                                55                                60

```

```

Asn Cys Cys Gln Gly Thr Cys Val Phe Phe Cys Leu Pro
65                                70                                75

```

```

<210> 40
<211> 26
<212> PRT
<213> Conus gloriamaris

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(26)
<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
26 may be Pro or hydroxy-Pro

```

```
<400> 40
```

```

Cys Arg Leu Gly Ala Xaa Ser Cys Asp Val Ile Ser Gln Asn Cys Cys
1                                5                                10                                15

```

```

Gln Gly Thr Cys Val Phe Phe Cys Leu Xaa
20                                25

```

```

<210> 41
<211> 446
<212> DNA
<213> Conus gloriamaris

```

<220>
 <221> CDS
 <222> (74)..(304)

<400> 41

ggatccttgc acggtgaatt tggottcaca gttttccact gtcgttttc gcatcatcca 60

aaacatcacc aag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg 109
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu
 1 5 10

ttc ttg acc gcc tgg aca ttc gcc acg gct gat gac occ aga aat gga 157
 Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly
 15 20 25

ttg gag aaa ctt ttt tcg aat aca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa 205
 Leu Glu Lys Leu Phe Ser Asn Thr His His Glu Met Lys Asn Pro Glu
 30 35 40

gcc tct aaa ttg aac aag agg tgc aaa caa gct gat gaa tct tgt aat 253
 Ala Ser Lys Leu Asn Lys Arg Cys Lys Gln Ala Asp Glu Ser Cys Asn
 45 50 55 60

gta ttt tca ctt gac tgc tgc acc ggc tta tgc ttg gga ttc tgc gta 301
 Val Phe Ser Leu Asp Cys Cys Thr Gly Leu Cys Leu Gly Phe Cys Val
 65 70 75

tcg tgatgtcttc tactccoctc tgtgctacct ggcttgatct ttgattggcg 354
 Ser

tgtgcctttc attggttatg aaccccoctg atccgattct ttggcggcct cgggggttca 414

acatccaaat aaagcgacag cacaataaaa aa 446

<210> 42
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> *Conus gloriamaris*

<400> 42

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Lys Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Thr His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Lys Gln Ala Asp Glu Ser Cys Asn Val Phe Ser Leu
 50 55 60

Asp Cys Cys Thr Gly Leu Cys Leu Gly Phe Cys Val Ser
 65 70 75

<210> 43

<211> 26
 <212> PRT
 <213> *Conus gloriamaris*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu.

<400> 43

Cys Lys Gln Ala Asp Xaa Ser Cys Asn Val Phe Ser Leu Asp Cys Cys
 1 5 10 15

Thr Gly Leu Cys Leu Gly Phe Cys Val Ser
 20 25

<210> 44
 <211> 242
 <212> DNA
 <213> *Conus gloriamaris*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(225)

<400> 44

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc acc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Thr
 1 5 10 15

tgg aca ttc gcc acg gcc atc acc agg aat gga ttg ggg aat ctt ttt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Ile Thr Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu Phe
 20 25 30

ccg aag aat cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg aac 144
 Pro Lys Asn His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu Asn
 35 40 45

aag agg tgc gtt cca tac gag ggc cct tgt aat tgg ctt aca caa aac 192
 Lys Arg Cys Val Pro Tyr Glu Gly Pro Cys Asn Trp Leu Thr Gln Asn
 50 55 60

tgc tgc gat gag cta tgc gta ttt ttc tgc cta taaaactagc ctgatgt 242
 Cys Cys Asp Glu Leu Cys Val Phe Phe Cys Leu
 65 70 75

<210> 45
 <211> 75
 <212> PRT
 <213> *Conus gloriamaris*

<400> 45

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Ile Thr Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu Phe
 20 25 30

Pro Lys Asn His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu Asn
 35 40 45

Lys Arg Cys Val Pro Tyr Glu Gly Pro Cys Asn Trp Leu Thr Gln Asn
 50 55 60

Cys Cys Asp Glu Leu Cys Val Phe Phe Cys Leu
 65 70 75

<210> 46
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus gloriamaris

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residue 2 and 7 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue
 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr
 or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 5 and 18 may be Glu or gamma-ca
 rboxy-Glu ; Xaa at residue 10 may be Trp or bromo-Trp

<400> 46

Cys Val Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Cys Asn Xaa Leu Thr Gln Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Asp Xaa Leu Cys Val Phe Phe Cys Leu
 20 25

<210> 47
 <211> 250
 <212> DNA
 <213> Conus magus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(231)

<400> 47

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctc ttc ttg acc gtc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Val
 1 5 10 15

tgg aca ttc gcc acg gct gat gac tcc gga aat gga ttg gag aaa ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Lys Leu
 20 25 30

ttt tgc aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgc aaa caa gct gat gaa cct tgt gat gta ttt tca ctt 192
 Asn Lys Arg Cys Lys Gln Ala Asp Glu Pro Cys Asp Val Phe Ser Leu
 50 55 60

gaa tgc tgc acc ggc ata tgt ctt gga ttc tgc acg tgg tgatgtcttc 241
 Glu Cys Cys Thr Gly Ile Cys Leu Gly Phe Cys Thr Trp
 65 70 75

cctccccctc

250

<210> 48

<211> 77

<212> PRT

<213> Conus magus

<400> 48

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Lys Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Lys Gln Ala Asp Glu Pro Cys Asp Val Phe Ser Leu
 50 55 60

Glu Cys Cys Thr Gly Ile Cys Leu Gly Phe Cys Thr Trp
 65 70 75

<210> 49

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus magus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residue 6 and 14 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidue 7 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 26 may be Trp o
 r bromo-Trp

<400> 49

Cys Lys Gln Ala Asp Xaa Xaa Cys Asp Val Phe Ser Leu Xaa Cys Cys
 1 5 10 15

Thr Gly Ile Cys Leu Gly Phe Cys Thr Xaa
 20 25

<210> 50

<211> 434

<212> DNA

<213> Conus textile

<220>

<221> CDS

<222> (71)..(295)

<400> 50

gccttgcaag gtgaatttgg cttcatagtt ttocactgtc gtctttggca tcatccaaaa 60

catcaccaag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc 109

Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe
 1 5 10

ttg acc gcc tgg aca ttc gcc acg gct gat gac tcc agc aat gga ttg 157
 Leu Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Ser Asn Gly Leu
 15 20 25

gag aat ctt ttt ttg aag gca cat cac gaa atg aac ccc gaa gcc tct 205
 Glu Asn Leu Phe Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Pro Glu Ala Ser
 30 35 40 45

aag ttg aac gag agg tgc ctt gat gct ggt gaa gtt tgt gat att ttt 253
 Lys Leu Asn Glu Arg Cys Leu Asp Ala Gly Glu Val Cys Asp Ile Phe
 50 55 60

ttt cca aca tgc tgc ggc tat tgc att ctt ctt ttc tgc gca 295
 Phe Pro Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Phe Cys Ala
 65 70 75

taaaactacc gtgatgtctt ctactcccct ctgtgctacc tggcttgatc ttgattggc 355
 gcgtagcctt cactgggtat gaaacccctg atccagctct ctggaggcct cgggggttca 415
 acatccaaat aaagcgaca 434

<210> 51
 <211> 75
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<400> 51

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Ser Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu Asn
 35 40 45

Glu Arg Cys Leu Asp Ala Gly Glu Val Cys Asp Ile Phe Phe Pro Thr
 50 55 60

Cys Cys Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Phe Cys Ala
 65 70 75

<210> 52
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-
 I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr.

<400> 52

Cys Leu Asp Ala Gly Xaa Val Cys Asp Ile Phe Phe Xaa Thr Cys Cys
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Leu Leu Phe Cys Ala
 20 25

<210> 53

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus textile

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residues 3 and 9 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 7 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 53

Cys Ile Xaa Gln Phe Asp Xaa Cys Xaa Met Ile Arg His Thr Cys Cys
 1 5 10 15

Val Gly Val Cys Phe Leu Met Ala Cys Ile
 20 25

<210> 54

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus textile

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residues 3, 7 and 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 19 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 54

Cys Ala Xaa Phe Leu His Xaa Cys Thr Phe Phe Phe Xaa Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Asn Ser Xaa Cys Val Gln Phe Ile Cys Leu
 20 25

<210> 55

<211> 260

<212> DNA

<213> Conus omaria

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(240)

<400> 55

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag aat ttt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Phe
 20 25 30

ttt tgc aag aca caa cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Thr Gln His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgc cta gca gaa cat gaa act tgt aat ata ttt aca caa 192
 Asn Lys Arg Cys Leu Ala Glu His Glu Thr Cys Asn Ile Phe Thr Gln
 50 55 60

aac tgc tgc gaa ggc gtg tgc att ttt atc tgc gta caa gct cca gag 240
 Asn Cys Cys Glu Gly Val Cys Ile Phe Ile Cys Val Gln Ala Pro Glu
 65 70 75 80

tgatgtcttc tctccctc 260

<210> 56
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 56

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Phe
 20 25 30

Phe Ser Lys Thr Gln His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Leu Ala Glu His Glu Thr Cys Asn Ile Phe Thr Gln
 50 55 60

Asn Cys Cys Glu Gly Val Cys Ile Phe Ile Cys Val Gln Ala Pro Glu
 65 70 75 80

<210> 57
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 4, 6, 17 and 29 may be Glu or gamma-carboxy-Glu;
 Xaa at residue 28 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 57

Cys Leu Ala Xaa His Xaa Thr Cys Asn Ile Phe Thr Gln Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Xaa Gly Val Cys Ile Phe Ile Cys Val Gln Ala Xaa Xaa
20 25

<210> 58
<211> 261
<212> DNA
<213> Conus omaria

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(231)

<400> 58
atg aaa ctg act gtc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Val Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttt gcc acg gct gaa gac ccc aga cat gga ttg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Glu Asp Pro Arg His Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30
ttt tcg aag gca cat cac gaa atg aag aac cct gaa gac tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Asp Ser Lys Leu
35 40 45
gac aag agg tgc att cca cat ttt gac cct tgt gac ccg ata cgc cac 192
Asp Lys Arg Cys Ile Pro His Phe Asp Pro Cys Asp Pro Ile Arg His
50 55 60
acc tgc tgc ttt ggc ctg tgc cta cta ata gcc tgc atc taaaactgcc. 241
Thr Cys Cys Phe Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
65 70 75
gtgatgtctt ctctccatc 261

<210> 59
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus omaria

<400> 59
Met Lys Leu Thr Val Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Glu Asp Pro Arg His Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Asp Ser Lys Leu
35 40 45
Asp Lys Arg Cys Ile Pro His Phe Asp Pro Cys Asp Pro Ile Arg His
50 55 60
Thr Cys Cys Phe Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
65 70 75

<210> 60

<211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residues 3, 7 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 60

Cys Ile Xaa His Phe Asp Xaa Cys Asp Xaa Ile Arg His Thr Cys Cys
 1 5 10 15

Phe Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
 20 25

<210> 61
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(228)

<400> 61

atg aaa ctg acg tgc gtg atg acc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gaa gac ccc aga gat gga ttg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Glu Asp Pro Arg Asp Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

tta tca aat gca cat aac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aca ttg 144
 Leu Ser Asn Ala His Asn Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Thr Leu
 35 40 45

aac gag agg tgc ctt ggg ttt ggt gaa gct tgt ctt ata ctt tat tca 192
 Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Ile Leu Tyr Ser
 50 55 60

gac tgc tgc ggc tat tgc gtt ggt gct atc tgc cta taaaactacc 238
 Asp Cys Cys Gly Tyr Cys Val Gly Ala Ile Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtctt ctctcccct c 259

<210> 62
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 62

Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

Trp Thr Phe Val Thr Ala Glu Asp Pro Arg Asp Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

Leu Ser Asn Ala His Asn Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Thr Leu
 35 40 45

Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Ile Leu Tyr Ser
 50 55 60

Asp Cys Cys Gly Tyr Cys Val Gly Ala Ile Cys Leu
 65 70 75

<210> 63

<211> 25

<212> PRT

<213> Conus omaria

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(25)

<223> Xaa at residue m6 ay be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
 12 and 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-
 ulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 63

Cys Leu Gly Phe Gly Xaa Ala Cys Leu Ile Leu Xaa Ser Asp Cys Cys
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Val Gly Ala Ile Cys Leu
 20 25

<210> 64

<211> 262

<212> DNA

<213> Conus aulicus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(240)

<400> 64

atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

ttt tcg aag aca caa cac aaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Thr Gln His Lys Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgc aaa gca gaa aat gaa ctt tgt aat ata ttt ata caa 192
 Asn Lys Arg Cys Lys Ala Glu Asn Glu Leu Cys Asn Ile Phe Ile Gln
 50 55 60

aac tgc tgc gac ggg acg tgc ctt ctt atc tgc ata caa aat cca cag 240
 Asn Cys Cys Asp Gly Thr Cys Leu Leu Ile Cys Ile Gln Asn Pro Gln
 65 70 75 80

tgatgtcttc tctcctaccc tc

262

<210> 65
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Conus aulicus

<400> 65

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Lys Thr Gln His Lys Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Lys Ala Glu Asn Glu Leu Cys Asn Ile Phe Ile Gln
 50 55 60

Asn Cys Cys Asp Gly Thr Cys Leu Leu Ile Cys Ile Gln Asn Pro Gln
 65 70 75 80

<210> 66
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus aulicus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 4 and 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 28 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 66

Cys Lys Ala Xaa Asn Xaa Leu Cys Asn Ile Phe Ile Gln Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Asp Gly Thr Cys Leu Leu Ile Cys Ile Gln Asn Xaa Gln
 20 25

<210> 67
 <211> 258
 <212> DNA
 <213> Conus aulicus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(228)

<400> 67

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

48

tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gat aat cgt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Asp Asn Arg
 20 25 30

ttt tgc aag gca cgt cac gaa atg aat aac cgc aga gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Ala Arg His Glu Met Asn Asn Arg Arg Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag agg tgc ctt gag ttt ggt gaa ctt tgt aat ttt ttt ttc cca 192
 Asn Lys Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Leu Cys Asn Phe Phe Phe Pro
 50 55 60

acc tgc tgc ggc tat tgc gtt ctt ctt gtc tgc cta taaactaccg 238
 Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
 65 70 75

tgatgtcttc tcttccctc 258

<210> 68

<211> 76

<212> PRT

<213> Conus aulicus

<400> 68

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Asp Asn Arg
 20 25 30

Phe Ser Lys Ala Arg His Glu Met Asn Asn Arg Arg Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Leu Cys Asn Phe Phe Phe Pro
 50 55 60

Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 69

<211> 25

<212> PRT

<213> Conus aulicus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(25)

<223> Xaa at residues 3 and 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidue 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr
 , 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phosph
 o-Tyr

<400> 69

Cys Leu Xaa Phe Gly Xaa Leu Cys Asn Phe Phe Phe Xaa Thr Cys Cys

<210> 72
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu.

<400> 72

Cys Ala Gln Ser Ser Xaa Leu Cys Asp Ala Leu Asp Ser Asp Cys Cys
 1 5 10 15

Ser Gly Val Cys Met Val Phe Phe Cys Leu
 20 25

<210> 73
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Conus distans

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(228)

<400> 73

atg aaa ctg acg tgc gtg atg acc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gaa gac ccc aga gat gga ttg agg aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Glu Asp Pro Arg Asp Gly Leu Arg Asn Leu
 20 25 30

tta tcg aat gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Leu Ser Asn Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac gag agg tgc ctt ggg ttt ggt gaa gct tgt ctt atg ctt tat tca 192
 Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Met Leu Tyr Ser
 50 55 60

gac tgc tgc agc tat tgc gtt ggt gct gtc tgc cta taaaactacc 238
 Asp Cys Cys Ser Tyr Cys Val Gly Ala Val Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtott ctactoccat c 259

<210> 74
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus distans

<400> 74

Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

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

Leu Ser Asn Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Met Leu Tyr Ser
50 55 60

Asp Cys Cys Ser Tyr Cys Val Gly Ala Val Cys Leu
65 70 75

<210> 75
<211> 25
<212> PRT
<213> Conus distans

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(25)
<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
12 and 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-s
ulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 75

Cys Leu Gly Phe Gly Xaa Ala Cys Leu Met Leu Xaa Ser Asp Cys Cys
1 5 10 15

Ser Xaa Cys Val Gly Ala Val Cys Leu
20 25

<210> 76
<211> 262
<212> DNA
<213> Conus pennaceus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(231)

<400> 76

atg aaa ctg acg tgc ctg atg acc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttt gcc acg gct gaa gac ccc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Glu Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

ttt tgc aag gca cat cac gaa atg aag aac cct gaa gac tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Asp Ser Lys Leu
35 40 45

gac aag agg tgc gtt aaa tat ctt gac cct tgt gac atg tta cgc cac 192
Asp Lys Arg Cys Val Lys Tyr Leu Asp Pro Cys Asp Met Leu Arg His
50 55 60

acc tgc tgc ttt ggc ctg tgc gta cta ata gcc tgc atc taaaactgcc 241

Thr Cys Cys Phe Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ile
65 70 75

gtgatgtcctt ctactcccat c

262

<210> 77
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus pennaceus

<400> 77

Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Glu Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Asp Ser Lys Leu
35 40 45

Asp Lys Arg Cys Val Lys Tyr Leu Asp Pro Cys Asp Met Leu Arg His
50 55 60

Thr Cys Cys Phe Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ile
65 70 75

<210> 78
<211> 26
<212> PRT
<213> Conus pennaceus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr,
r, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 7 may be Pro or
hydroxy-Pro

<400> 78

Cys Val Lys Xaa Leu Asp Xaa Cys Asp Met Leu Arg His Thr Cys Cys
1 5 10 15

Phe Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ile
20 25

<210> 79
<211> 259
<212> DNA
<213> Conus pennaceus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(228)

<400> 79

atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg ggg aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

ttt tcg aat gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gct tct aaa ttg 144
 Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac gag agg tgc ctt ggg ttt ggt gaa gtt tgc aat ttc ttt ttt cca 192
 Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe Pro
 50 55 60

aac tgc tgc agc tat tgc gtt gct ctt gtc tgc cta taaaactacc 238
 Asn Cys Cys Ser Tyr Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtctt ctattccct c 259

<210> 80
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus pennaceus

<400> 80

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Glu Arg Cys Leu Gly Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe Pro
 50 55 60

Asn Cys Cys Ser Tyr Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 81
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus pennaceus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-I
 -Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 81

Cys Leu Gly Phe Gly Xaa Val Cys Asn Phe Phe Phe Xaa Asn Cys Cys
1 5 10 15

Ser Xaa Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
20 25

<210> 82
<211> 260
<212> DNA
<213> *Conus pennaceus*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(240)

<400> 82
atg aaa ctg acg tgc gtg atg ctc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Leu Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttc gcc acg gct gat gac tcc agc aat gga ctg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Ser Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30
ttt tgc aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
aac aag agg tgc att cca caa ttt gat cct tgt gac atg gta cgt cac 192
Asn Lys Arg Cys Ile Pro Gln Phe Asp Pro Cys Asp Met Val Arg His
50 55 60
act tgc tgc aaa ggg ttg tgc gta cta ata gcc tgc tct aaa act gcg 240
Thr Cys Cys Lys Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ser Lys Thr Ala
65 70 75 80
tgatgtcttc atctcccctc 260

<210> 83
<211> 80
<212> PRT
<213> *Conus pennaceus*

<400> 83
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Leu Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Ser Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
Asn Lys Arg Cys Ile Pro Gln Phe Asp Pro Cys Asp Met Val Arg His
50 55 60
Thr Cys Cys Lys Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ser Lys Thr Ala

65 70 75 80

<210> 84
<211> 29
<212> PRT
<213> Conus pennaceus
<220>
<221> SITE
<222> (1)..(29)
<223> Xaa at residues 3 and 7 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 84
Cys Ile Xaa Gln Phe Asp Xaa Cys Asp Met Val Arg His Thr Cys Cys
1 5 10 15
Lys Gly Leu Cys Val Leu Ile Ala Cys Ser Lys Thr Ala
20 25

<210> 85
<211> 260
<212> DNA
<213> Conus pennaceus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(240)

<400> 85
atg aaa ctg acg tgc ttg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttc gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag aat ttt 96
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Phe
20 25 30
ttt tcg aag aca caa cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Thr Gln His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
aac aag agg tgc aaa gca gaa agt gaa gct tgt aat ata att aca caa 192
Asn Lys Arg Cys Lys Ala Glu Ser Glu Ala Cys Asn Ile Ile Thr Gln
50 55 60
aac tgc tgc gac ggc aag tgc ctt ttt ttc tgc ata caa att cca gag 240
Asn Cys Cys Asp Gly Lys Cys Leu Phe Phe Cys Ile Gln Ile Pro Glu
65 70 75 80
tgatgtcttc tctcccatc 260

<210> 86
<211> 80
<212> PRT
<213> Conus pennaceus

<400> 86
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Phe
20 25 30

Phe Ser Lys Thr Gln His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Cys Lys Ala Glu Ser Glu Ala Cys Asn Ile Ile Thr Gln
50 55 60

Asn Cys Cys Asp Gly Lys Cys Leu Phe Phe Cys Ile Gln Ile Pro Glu
65 70 75 80

<210> 87
<211> 29
<212> PRT
<213> *Conus pennaceus*

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(29)
<223> Xaa at residues 4, 6 and 29 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa
at residue 28 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 87

Cys Lys Ala Xaa Ser Xaa Ala Cys Asn Ile Ile Thr Gln Asn Cys Cys
1 5 10 15

Asp Gly Lys Cys Leu Phe Phe Cys Ile Gln Ile Xaa Xaa
20 25

<210> 88
<211> 632
<212> DNA
<213> *Conus omaria*

<220>
<221> CDS
<222> (110)..(199)

<400> 88

ggtcgacatc atcatcatca tcgatccatc tgtccatcca tccattcatt cattcgcgtc 60

cagactgtca taaatattcg agtctctcct tctgtttgta tctgacaga ttg aac aag 118
Leu Asn Lys
1

agg tgc att gac ggt ggt gaa att tgt gat att ttt ttt cca aac tgc 166
Arg Cys Ile Asp Gly Gly Glu Ile Cys Asp Ile Phe Phe Pro Asn Cys
5 10 15

tgc agt ggg tgg tgc att att ctc gtc tgc gca tgaaactacc gtgatgtctt 219
Cys Ser Gly Trp Cys Ile Ile Leu Val Cys Ala
20 25 30

ctactcccct ctagtagtag taggcggccg ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg 279

```

catgcgacgt catagctctt ctatagtgtc acctaaattc aattcactgg ccgctcgttt    339
acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt taccacaactt aatgccttg cagcacatcc    399
ccctttcggc agctggcgta atagcgaaga ggcccgacc gatcgccctt ccaacagttt    459
ggcgagcctg aatggcgaat gggacgcgcc ctgtagcggc gcattaagcg cggcgggtgt    519
ggtgggtacg cgcagcgtga ccggtacct tgccagcgcc ctagcggccg ctctttttgc    579
ttttttccct tcctttctcg ccaccgttcg cccggggttt tccogtcaag ctc          632

```

```

<210> 89
<211> 30
<212> PRT
<213> Conus omaria

```

```
<400> 89
```

```

Leu Asn Lys Arg Cys Ile Asp Gly Gly Glu Ile Cys Asp Ile Phe Phe
1              5              10              15

```

```

Pro Asn Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Ile Leu Val Cys Ala
                20              25              30

```

```

<210> 90
<211> 26
<212> PRT
<213> Conus omaria

```

```

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(26)
<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
      13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 19 may be Trp or bro
      mo-Trp

```

```
<400> 90
```

```

Cys Ile Asp Gly Gly Xaa Ile Cys Asp Ile Phe Phe Xaa Asn Cys Cys
1              5              10              15

```

```

Ser Gly Xaa Cys Ile Ile Leu Val Cys Ala
                20              25

```

```

<210> 91
<211> 650
<212> DNA
<213> Conus omaria

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (107)..(196)

```

```

<400> 91
ggctgacatc atcatcatcg atccatctgt ccattccatcc attcattcat tcgctgccag    60
actgtcataa atattcgagt ctctccttct gtttgtatct gacaga ttg aac aag      115
                        Leu Asn Lys
                        1

```

agg tgc ctt gac ggt ggt gaa att tgt ggt att ttg ttt cca agc tgc 163
 Arg Cys Leu Asp Gly Gly Glu Ile Cys Gly Ile Leu Phe Pro Ser Cys
 5 10 15

tgc agt ggg tgg tgc att gtt ctc gtc tgc gca tgaaactacc gtgatgttt 216
 Cys Ser Gly Trp Cys Ile Val Leu Val Cys Ala
 20 25 30

ctactccoct ctagtagtag taggcgcccg ctctagagga tccaagccta cgtacgcgtg 276

catgcgacgt catagctctt ctatagtgtc acctaaattc aattcactgg ccgtcgtttt 336

acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt taccacaactt aatcgccttg cagcacatcc 396

ccctttcggc agctggcgta atagcgaaga ggcccgcacc gatcgcctt cccaacaagt 456

tgcgcagcct gaatggcgaa tgggacgcgc cctgtagcgg cgcattaagc gggcggggtg 516

tgggtggttac ggcacccgtg accgctacac ttgccagcgc cctagccgcc cgctcctttc 576

gctttcttcc ctctctttct cgcacgttcg gccggctttc cccgtcaagc tctaaatcgg 636

gggcttccoct tttta 650

<210> 92
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 92

Leu Asn Lys Arg Cys Leu Asp Gly Gly Glu Ile Cys Gly Ile Leu Phe
 1 5 10 15

Pro Ser Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Val Leu Val Cys Ala
 20 25 30

<210> 93
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 19 may be Trp or bro
 mo-Trp

<400> 93

Cys Leu Asp Gly Gly Xaa Ile Cys Gly Ile Leu Phe Xaa Ser Cys Cys
 1 5 10 15

Ser Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Ala
 20 25

<210> 94
 <211> 618

<212> DNA
 <213> *Conus marmoreus*

<220>
 <221> CDS
 <222> {107}..{193}

<400> 94
 ggctcgacatc atcatcatcg atccatctgt ccacccatcc atccattcat tcgctgccag 60
 actgtaataa atattcgagt ctctctttct gtttgtatct gacaga ttg aac aag 115
 Leu Asn Lys
 1

agg tgc ctt gag ttt ggt gaa gtt tgt aat ttt ttt ttc cca acc tgc 163
 Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe Pro Thr Cys
 5 10 15

tgc ggc tat tgc gtt ctt ctt gtc tgc cta taaaactacc gtgatgtctt 213
 Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
 20 25

ctactcccct ctagtagtag taggcggcgc ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg 273
 catgcgacgt catagctctt ctatagtgtc acctaaattc aattcaactgg ccgtcgtttt 333
 acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt taccacaactt aatcgccctg cagcacatcc 393
 ccttttcgcc agctggcgta atagcgaaga ggcccgcacc gatcgccctt cccaacagtt 453
 ggcgagcctg aatggcgaat gggacgcgcc ctgtagcggc gcattaagcg cggcgggtgt 513
 ggtggttacg cgcagcgtga ccgtacact tgcagcgccc tagcgcgcgc tcctttcgtc 573
 ttcttccctt cctttctcgc cacgttcgcc ggctttcccc gtc aa 618

<210> 95
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<400> 95
 Leu Asn Lys Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe
 1 5 10 15
 Pro Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
 20 25

<210> 96
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<220>
 <221> SITE
 <222> {1}..{25}
 <223> Xaa at residues 3 and 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 96

Cys Leu Xaa Phe Gly Xaa Val Cys Asn Phe Phe Phe Xaa Thr Cys Cys
1 5 10 15

Gly Xaa Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
20 25

<210> 97

<211> 444

<212> DNA

<213> *Conus marmoreus*

<220>

<221> CDS

<222> (150)..(236)

<400> 97

gaaagctggt acgctgcag gtaccggtcc ggaattcccg ggtcgacatc atcatcatca 60

togatccatc tgtccatcca tccattcatt caticgctgc cagactgtaa taaatattcg 120

agttttctcct tctgtttcta tctgacagg ttg aac aag agg tgc caa gag ttc 173
Leu Asn Lys Arg Cys Gln Glu Phe
1 5

ggt gaa gtt tgt aat ttt ttt ttc cca gac tgc tgc ggc tat tgc gtt 221
Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe Pro Asp Cys Cys Gly Tyr Cys Val
10 15 20

ctt tta ctg tgc ata taaaactacc gtgatgtctt ctcttcccat ctagtagtag 276
Leu Leu Leu Cys Ile
25

tagtagtagt aggcggccgc tctagaggat ccaagcttac gtacgctgc atgcgacgtc 336

atagctcttc tatagtgta cctaaattca attcactggc cgtcgtttta caaccgctcg 396

gactgggaaa accctggcgt tcccaactta attcgccttg cagcaca 444

<210> 98

<211> 29

<212> PRT

<213> *Conus marmoreus*

<400> 98

Leu Asn Lys Arg Cys Gln Glu Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe
1 5 10 15

Pro Asp Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Leu Cys Ile
20 25

<210> 99

<211> 25

<212> PRT

<213> *Conus marmoreus*

<220>

<221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residues 3 and 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 99

Cys Gln Xaa Phe Gly Xaa Val Cys Asn Phe Phe Phe Xaa Asp Cys Cys
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Val Leu Leu Leu Cys Ile
 20 25

<210> 100
 <211> 545
 <212> DNA
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> CDS
 <222> (153)..(242)

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(545)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 100

tttgaagcn ggtacgcctg caggtaccgg tccggaattc cggggtcgac atcatcatca 60

tcatcgatcc atctgtccat ccatccattc attcattcgc taccagactg taataaatat 120

tgggtctct cttctgttt gtatctgaca ga ttg gac aag agg tgc att cca 173
 Leu Asp Lys Arg Cys Ile Pro
 1 5

cat ttt gac cct tgt gac ccg ata cgc cac acc tgc tgc ttt ggc ctg 221
 His Phe Asp Pro Cys Asp Pro Ile Arg His Thr Cys Cys Phe Gly Leu
 10 15 20

tgc cta cta ata gcc tgc atc taaaactgcc gtgatgtctt ctctoccoct 272
 Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
 25 30

ctagtagtag tagggggcgc ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg catgcgacgt 332

catagctctt ctatagtgtc acctaaattc aattcactgg cegtctgtttt acaacgtcgt 392

gactgggaaa accctggcgt taccctcaactt aatgccttg cagcacatcc cctttcgc 452

agctggcgta atagcgaaga ggcccgcacc gatgcctctt cccaacagtt ggcgagcctg 512

aatggcgaat gggacgcgcc ctgtagcggc gct 545

<210> 101
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(545)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 101

Leu Asp Lys Arg Cys Ile Pro His Phe Asp Pro Cys Asp Pro Ile Arg
 1 5 10 15

His Thr Cys Cys Phe Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
 20 25 30

<210> 102
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residues 3, 7 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 102

Cys Ile Xaa His Phe Asp Xaa Cys Asp Xaa Ile Arg His Thr Cys Cys
 1 5 10 15

Phe Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ala Cys Ile
 20 25

<210> 103
 <211> 534
 <212> DNA
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> CDS
 <222> (140)..(226)

<400> 103
 ggtacgcctg caggtaccgg tccggaattc cggggtogac atcatcatca tcgatccatc 60
 tgtccatcca tccattcttt catttgctgc cagactgtaa taaatattcg agtctctctt 120
 tctgtttgta totgacaga ttg aac aag agg tgc ctt gag ttt ggt gaa gtt 172
 Leu Asn Lys Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Val
 1 5 10
 tgt aat ttt ttt ttc cca acc tgc tgc ggc tat tgc gtt ctt ctt gtc 220
 Cys Asn Phe Phe Phe Pro Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Leu Val
 15 20 25
 tgc cta taaaactacc gtgatgtctt ctcttccct ctagtagtag taggcggccg 276
 Cys Leu
 ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg catgcgacgt catagctctt ctatagtgtc 336
 acctaaattc aattcactgg ccgtcgtttt acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt 396

tacccaactt aatcgccttg cagcacatcc ccctttcgcc agctggcgta atagcgaaga 456
 ggcccgacc gatcgcctt cccaacagtt ggcagcctg aatggcgaat gggacgcgcc 516
 ctgtagcggc gcattaag 534

<210> 104
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 104

Leu Asn Lys Arg Cys Leu Glu Phe Gly Glu Val Cys Asn Phe Phe Phe
 1 5 10 15

Pro Thr Cys Cys Gly Tyr Cys Val Leu Val Cys Leu
 20 25

<210> 105
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(25)

<223> Xaa at residues 3 and 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidue13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 18 may be Tyr
 , 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phosph
 o-Tyr

<400> 105

Cys Leu Xaa Phe Gly Xaa Val Cys Asn Phe Phe Phe Xaa Thr Cys Cys
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Val Leu Leu Val Cys Leu
 20 25

<210> 106
 <211> 200
 <212> DNA
 <213> Conus obscurus

<220>

<221> CDS

<222> (73)..(180)

<400> 106

cgatccatct gtccatccat ccattcgttc gttcgtgcc aaactgtaat aaataaccga 60

gtctctctgt tt gta tct gac aga tgc aaa aag caa tgc cgt caa aat ggt 111
 Val Ser Asp Arg Ser Lys Lys Gln Cys Arg Gln Asn Gly
 1 5 10

gaa gtg tgt gat gcg aat ttg gca cac tgc tgc agt ggc ccg tgt ttt 159
 Glu Val Cys Asp Ala Asn Leu Ala His Cys Cys Ser Gly Pro Cys Phe
 15 20 25

ctc ttc tgt cta aac cag ccg tgatgtcttc tactcccctc 200
 Leu Phe Cys Leu Asn Gln Pro
 30 35

<210> 107
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Conus obscurus

<400> 107

Val Ser Asp Arg Ser Lys Lys Gln Cys Arg Gln Asn Gly Glu Val Cys
 1 5 10 15

Asp Ala Asn Leu Ala His Cys Cys Ser Gly Pro Cys Phe Leu Phe Cys
 20 25 30

Leu Asn Gln Pro
 35

<210> 108
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus obscurus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(32)
 <223> Xaa at residue 10 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 s 23 and 32 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 108

Ser Lys Lys Gln Cys Arg Gln Asn Gly Xaa Val Cys Asp Ala Asn Leu
 1 5 10 15

Ala His Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Leu Phe Cys Leu Asn Gln Xaa
 20 25 30

<210> 109
 <211> 262
 <212> DNA
 <213> Conus ammiralis

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(231)

<400> 109

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc att gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttt gcc acg gct gat gac tcc gga aat gga ttg gaa aat ctt 96
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

ttt tcg aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc aaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Lys Ala Ser Lys Leu

```

          35              40              45
aac aag agg tgc act caa agc ggt gaa ctt tgt gat gtg ata gac cca      192
Asn Lys Arg Cys Thr Gln Ser Gly Glu Leu Cys Asp Val Ile Asp Pro
  50              55              60

gac tgc tgc aat aat ttt tgc att ata ttt ttc tgc ata taaaactgcc      241
Asp Cys Cys Asn Asn Phe Cys Ile Ile Phe Phe Cys Ile
  65              70              75

gtgatgtctt ctactcccct c                                             262

```

```

<210> 110
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus ammiralis

```

```
<400> 110
```

```
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1              5              10              15
```

```
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Asn Leu
          20              25              30
```

```
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Lys Ala Ser Lys Leu
          35              40              45
```

```
Asn Lys Arg Cys Thr Gln Ser Gly Glu Leu Cys Asp Val Ile Asp Pro
  50              55              60
```

```
Asp Cys Cys Asn Asn Phe Cys Ile Ile Phe Phe Cys Ile
  65              70              75
```

```

<210> 111
<211> 26
<212> PRT
<213> Conus ammiralis

```

```
<220>
```

```
<221> SITE
```

```
<222> (1)..(26)
```

```
<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
      13 may be Pro or hydroxy-Pro
```

```
<400> 111
```

```
Cys Thr Gln Ser Gly Xaa Leu Cys Asp Val Ile Asp Xaa Asp Cys Cys
 1              5              10              15
```

```
Asn Asn Phe Cys Ile Ile Phe Phe Cys Ile
          20              25
```

```

<210> 112
<211> 286
<212> DNA
<213> Conus textile

```

<220>
 <221> CDS
 <222> (25)..(255)

<400> 112

```

ggcattacct aaaacatcac caaa atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt      51
                               Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val
                               1                               5

gct gtg ctg ttc ttg acc gcc tgg aca ttc gcc acg gct gat gac tcc      99
Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser
10                               15                               20                               25

gga aat gga ttg gag aaa ctt ttt tgg aat gca cat cac gaa atg aag      147
Gly Asn Gly Leu Glu Lys Leu Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys
                               30                               35                               40

aac ccc gaa gcc tct aat ttg aac aag agg tgc gct cct ttt ctt cac      195
Asn Pro Glu Ala Ser Asn Leu Asn Lys Arg Cys Ala Pro Phe Leu His
                               45                               50                               55

ctt tgt acc ttt ttc ttc cca aac tgc tgc aac ggc tat tgc gtt caa      243
Leu Cys Thr Phe Phe Phe Pro Asn Cys Cys Asn Gly Tyr Cys Val Gln
                               60                               65                               70

ttt atc tgc cta taaaactact gtgatgtctt ctattccct c                    286
Phe Ile Cys Leu
                               75

```

<210> 113
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<400> 113

```

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Lys Leu
                               20                               25                               30

Phe Ser Asn Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Asn Leu
                               35                               40                               45

Asn Lys Arg Cys Ala Pro Phe Leu His Leu Cys Thr Phe Phe Phe Pro
50                               55                               60

Asn Cys Cys Asn Gly Tyr Cys Val Gln Phe Ile Cys Leu
65                               70                               75

```

<210> 114
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>

<221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residues 3 and 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 19 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 114

Cys Ala Xaa Phe Leu His Leu Cys Thr Phe Phe Phe Xaa Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Asn Gly Xaa Cys Val Gln Phe Ile Cys Leu
 20 25

<210> 115
 <211> 484
 <212> DNA
 <213> *Conus marmoreus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (74)..(304)

<400> 115

ggatcctagc acagtgaatt tggcttcaca gttttccact gtcgtctttg gcatcatcca 60

aaacatcacc aag atg aaa ctg acg tgc atg atc gtt got gtg ctg 109
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu
 1 5 10

ttc ttg acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga 157
 Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly
 15 20 25

ttg gag aat ctt ttt tcg aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc aaa 205
 Leu Glu Asn Leu Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Lys
 30 35 40

gac tct aaa ttg aac aag agg tgc ctt gac gct ggt gaa atg tgt gat 253
 Asp Ser Lys Leu Asn Lys Arg Cys Leu Asp Ala Gly Glu Met Cys Asp
 45 50 55 60

ctt ttt aat tca aaa tgc tgc agt ggg tgg tgc att att etc ttc tgc 301
 Leu Phe Asn Ser Lys Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Ile Leu Phe Cys
 65 70 75

gca taaaactacc gtgatgtctt ctactcccct ctgtgctacc tggcttgatc 354
 Ala

tttgattggc gcgtgccctt cactggttat gaacccccct gatcogactc tctgggggcc 414

tctgggggttc aacatccaaa taaagccgac acgatactga cgtagaaaaa aaaaaaaaaa 474

aaaaaaaaaa 484

<210> 116
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<400> 116

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Lys Asp Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Cys Leu Asp Ala Gly Glu Met Cys Asp Leu Phe Asn Ser
50 55 60

Lys Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Ile Leu Phe Cys Ala
65 70 75

<210> 117

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
19 may be Trp or bromo-Trp

<400> 117

Cys Leu Asp Ala Gly Xaa Met Cys Asp Leu Phe Asn Ser Lys Cys Cys
1 5 10 15

Ser Gly Xaa Cys Ile Ile Leu Phe Cys Ala
20 25

<210> 118

<211> 427

<212> DNA

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> CDS

<222> (19)..(249)

<400> 118

gccgaaaaca tcaccaag atg aaa ctg acg agc atg atg atc gtt gct gtg 51
Met Lys Leu Thr Ser Met Met Ile Val Ala Val
1 5 10

ctg ttc ttg acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gac gac tcc gga aat 99
Leu Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn
15 20 25

gga ttg gag aat ctt ttt tcg aag gca cat cac gag atg aag aac ccc 147
Gly Leu Glu Asn Leu Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro
30 35 40

aaa gac tct aaa ttg aac aag agg tgc ctt gac ggt ggt gaa att tgt 195

Lys Asp Ser Lys Leu Asn Lys Arg Cys Leu Asp Gly Gly Glu Ile Cys
 45 50 55
 ggt att ttg ttt cca agc tgc tgc agt ggg tgg tgc att gtt ctc gtc 243
 Gly Ile Leu Phe Pro Ser Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Val Leu Val
 60 65 70 75
 tgc gca tgaactacc gtgatgtctt ctactcccct ctgtgctacc tggcttgatc 299
 Cys Ala
 tttgattggc gcgtgccctt cactggttat gaacccccct gatccgactc tctggcggcc 359
 tcgggggttc aacatccaaa taaagcgaca cgacaatgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 419
 aaaaaaaaaa 427

<210> 119
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Conus marmoreus

<400> 119

Met Lys Leu Thr Ser Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Gly Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30
 Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Lys Asp Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Cys Leu Asp Gly Gly Glu Ile Cys Gly Ile Leu Phe Pro
 50 55 60
 Ser Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Val Leu Val Cys Ala
 65 70 75

<210> 120
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus marmoreus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 13 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 19 may be Trp or bro-
 mo-Trp

<400> 120

Cys Leu Asp Gly Gly Xaa Ile Cys Gly Ile Leu Phe Xaa Ser Cys Cys
 1 5 10 15
 Ser Gly Xaa Cys Ile Val Leu Val Cys Ala

20 25

<210> 121
 <211> 470
 <212> DNA
 <213> *Conus marmoreus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (70)..(303)

<400> 121
 gctagcacag tgaatttggc ttcacagttt tccactgtcg tctttggcat catccaaaac 60
 atcaccaag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gaa gca gag ctg ttc ttg 111
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Glu Ala Glu Leu Phe Leu
 1 5 10
 acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag 159
 Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu
 15 20 25 30
 aat ctt ttt tcy aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct 207
 Asn Leu Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
 35 40 45
 aaa ttg aac aag agg tgc cct aac act ggt gaa tta tgt gat gtg gtt 255
 Lys Leu Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val
 50 55 60
 gaa caa aac tgc tgc tat acc tat tgc ttt att gta gtc tgc cct ata 303
 Glu Gln Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Pro Ile
 65 70 75
 taactaccgt gatgtcttct actccctct gtgctgcctg gcttgatctt tgattggcgc 363
 gtgcccttca ctggttatga accccctga tccgactctc ttgcggcctc aggggttcaa 423
 catccaaata aagcgacacg aaaatgaaaa aaaaaaaaa aaaaaaa 470

<210> 122
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<400> 122
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Glu Ala Glu Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30
 Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val Glu Gln
 50 55 60

Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Pro Ile
65 70 75

<210> 123
<211> 27
<212> PRT
<213> Conus marmoreus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(27)
<223> Xaa at residues 2 and 26 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 6 and 12 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 17 and 19 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 123

Cys Xaa Asn Thr Gly Xaa Leu Cys Asp Val Val Xaa Gln Asn Cys Cys
1 5 10 15

Xaa Thr Xaa Cys Phe Ile Val Val Cys Xaa Ile
20 25

<210> 124
<211> 470
<212> DNA
<213> Conus marmoreus

<220>
<221> CDS
<222> (67)..(312)

<400> 124

```

ttgcacggtg aatttcgctt atatttttct actgtcgtct ttggcatcat ccaaaacatc      60
accaag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg      108
      Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
      1 5 10
acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc gat gta ttg      156
Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Val Leu
15 20 25 30
gag aat ctt tat ctg aag gca ctt cac gaa acg gaa aac cac gaa gcc      204
Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu Ala
35 40 45
tct aaa ttg aac gtg aga gac gac gag tgc gaa cct cct gga gat ttt      252
Ser Lys Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp Phe
50 55 60
tgt ggc ttt ttt aaa att ggg ccg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc ttc      300
Cys Gly Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe
65 70 75
ctc tgg tgc gcc taaaactgcc gtgatgtctt ctattcccct ctgtgctacc      352
Leu Trp Cys Ala
80
tgacctgata tttgattggc gcgtgcccct cagtggttat gaacccccct gatccgactc      412

```

tctggggggcc tcgggggttc aacatccaaa taaagctgac aacacaataa aaaaaaaaa 470

<210> 125
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<400> 125

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Val Leu Glu Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu Ala Ser Lys
 35 40 45

Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp Phe Cys Gly
 50 55 60

Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Leu Trp
 65 70 75 80

Cys Ala

<210> 126
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> *Conus marmoreus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(30)
 <223> Xaa at residues 3 and 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidues 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue
 s 24 and 28 may be Trp or bromo-Trp

<400> 126

Asp Asp Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asp Phe Cys Gly Phe Phe Lys Ile
 1 5 10 15

Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Leu Xaa Cys Ala
 20 25 30

<210> 127
 <211> 277
 <212> DNA
 <213> *Conus striatus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(246)

<400> 127
 atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc gat gca ttg gag aat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Ala Leu Glu Asn
 20 25 30
 ctt tat ctg aag gca ctt cac gaa acg gaa aac cac gaa gcc tct aaa 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu Ala Ser Lys
 35 40 45
 ttg aac gtg aga gac gac gag tgc gaa cct cct gga gat ttt tgt ggc 192
 Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp Phe Cys Gly
 50 55 60
 ttt ttt aaa att ggg ccg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc ttc ctc tgg 240
 Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Leu Trp
 65 70 75 80
 tgc gca taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct c 277
 Cys Ala

<210> 128
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> *Conus striatus*

<400> 128
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Ala Leu Glu Asn
 20 25 30
 Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu Ala Ser Lys
 35 40 45
 Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp Phe Cys Gly
 50 55 60
 Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Leu Trp
 65 70 75 80
 Cys Ala

<210> 129
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> *Conus striatus*

<220>
 <221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residues 3 and 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 24 and 28 may be Trp or bromo-Trp

<400> 129

Asp Asp Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asp Phe Cys Gly Phe Phe Lys Ile
1 5 10 15
Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Leu Xaa Cys Ala
20 25 30

<210> 130

<211> 277

<212> DNA

<213> Conus omaria

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 130

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc aat gca ttg gaa aat 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
20 25 30
ctt tat ctg aag gca cgt cac gaa atg gaa aac ccc gaa gcc tct aaa 144
Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Pro Glu Ala Ser Lys
35 40 45
ttg aac acg aga gac gac gat tgc gaa cct cct gga aat ttt tgt ggc 192
Leu Asn Thr Arg Asp Asp Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly
50 55 60
atg ata aaa att ggg ccg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc ttt ttc gcc 240
Met Ile Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala
65 70 75 80
tgc gcc taaaactgcc gtgatgtctt ctctccct c 277
Cys Ala

<210> 131

<211> 82

<212> PRT

<213> Conus omaria

<400> 131

Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Pro Glu Ala Ser Lys
 35 40 45

Leu Asn Thr Arg Asp Asp Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly
 50 55 60

Met Ile Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala
 65 70 75 80

Cys Ala

<210> 132

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus omaria

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residue 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 24 may
 be Trp or bromo-Trp

<400> 132

Asp Asp Asp Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asn Phe Cys Gly Met Ile Lys Ile
 1 5 10 15

Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Ala Cys Ala
 20 25 30

<210> 133

<211> 277

<212> DNA

<213> Conus aulicus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 133

atg aaa ctg acg tgc ctg atg ata gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc aat gca ttg gag aat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

ott tat ctg aag gca cgt cac gaa atg gaa aac ccc gaa gcc tct aaa 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Pro Glu Ala Ser Lys
 35 40 45

ttg aac acg aga gac tac gat tgc gaa cct cct gga aat ttt tgt ggc 192
 Leu Asn Thr Arg Asp Tyr Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly
 50 55 60

atg ata aaa att ggg ccg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc ttt ttc gcc 240

Met Ile Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala
65 70 75 80

tgc gcc taaaactgcc gtgatgtctt ctcctcccct c
Cys Ala

277

<210> 134
<211> 82
<212> PRT
<213> Conus aulicus

<400> 134

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Glu Asn Pro Glu Ala Ser Lys
35 40 45

Leu Asn Thr Arg Asp Tyr Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly
50 55 60

Met Ile Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala
65 70 75 80

Cys Ala

<210> 135
<211> 30
<212> PRT
<213> Conus aulicus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(30)
<223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 24 may be Trp or bromo-Trp

<400> 135

Asp Xaa Asp Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asn Phe Cys Gly Met Ile Lys Ile
1 5 10 15

Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Ala Cys Ala
20 25 30

<210> 136
<211> 685
<212> DNA

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> CDS

<222> (111)..(212)

<400> 136

```

ggtcgacatc atcatcatca tcgatccatc tgtccatcca tctattcatt cattcgtggc      60
caaactgtaa taaataatgc aagtctctct ttctgtttgt atctgacaga ttg aac      116
                                     Leu Asn
                                     1

acg aga gac gac gat tgc gaa cct cct gga aat ttt tgt ggc atg ata      164
Thr Arg Asp Asp Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly Met Ile
      5                10                15

aaa att ggg cgg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc ttt ttc gcc tgc gcc      212
Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala Cys Ala
      20                25                30

taaaactgcc gtgatgtctt ctcttcccct ctagtagtag taggcggcgg ctctagagga      272
tccaagctta cgtacgcgtg catgcgacgt catagctctt ctatagtgtc acctaaattc      332
aattcaactgg cogtcgtttt acaacgtcgt gactgggaaa accctggcgt tacccaactt      392
aatgccttg cagcacatcc ccctttcgcc agctggcgta atagcgaaga ggcccgacc      452
gatcgccctt cccaacagtt gcgcagcctg aatggcgaat gggacgcgcc ctgtagcggc      512
gcattaagcg cggcgggtgt ggtggttacg ccgcagcctg gaccgcctac acttgccagc      572
gccctagcgc ccgctccttt cgctttcttc ctctcttctt cgcacgcttc gccggctttt      632
cccgtcaagc tctaaatcgg gggctccttt agggtcogat ttaagtgctt tac      685

```

<210> 137

<211> 34

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<400> 137

```

Leu Asn Thr Arg Asp Asp Asp Cys Glu Pro Pro Gly Asn Phe Cys Gly
1                5                10                15

Met Ile Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Ala
      20                25                30

```

Cys Ala

<210> 138

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residue 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 24 may be Trp or bromo-Trp

<400> 138

Asp Asp Asp Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asn Phe Cys Gly Met Ile Lys Ile
1 5 10 15

Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Ala Cys Ala
20 25 30

<210> 139

<211> 126

<212> DNA

<213> Conus regius

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(96)

<400> 139

ttg aac cag aga gac tgc ctt agt aaa aac gct ttc tgt gcc tgg ccg 48
Leu Asn Gln Arg Asp Cys Leu Ser Lys Asn Ala Phe Cys Ala Trp Pro
1 5 10 15

ata ctt gga cca ctg tgc tgc agt ggc tgg tgc tta tac gtc tgc atg 96
Ile Leu Gly Pro Leu Cys Cys Ser Gly Trp Cys Leu Tyr Val Cys Met
20 25 30

taaaactgccc gtgatgtctt ctatcccctc 126

<210> 140

<211> 32

<212> PRT

<213> Conus regius

<400> 140

Leu Asn Gln Arg Asp Cys Leu Ser Lys Asn Ala Phe Cys Ala Trp Pro
1 5 10 15

Ile Leu Gly Pro Leu Cys Cys Ser Gly Trp Cys Leu Tyr Val Cys Met
20 25 30

<210> 141

<211> 28

<212> PRT

<213> Conus regius

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(28)

<223> Xaa at residues 11 and 22 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 12 and 16 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 25 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 141

Asp Cys Leu Ser Lys Asn Ala Phe Cys Ala Xaa Xaa Ile Leu Gly Xaa
1 5 10 15

Leu Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Leu Xaa Val Cys Met
20 25

<210> 142

<211> 133

<212> DNA

<213> Conus radiatus

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(103)

<400> 142

a ttg aac aag aaa ggt gat gac tgc ctt gct gtt aaa aaa aat tgt ggc 49
Leu Asn Lys Lys Gly Asp Asp Cys Leu Ala Val Lys Lys Asn Cys Gly
1 5 10 15

ttt cca aaa ctt gga ggg cca tgc tgc agt ggc ttg tgc ttt ttc gtc 97
Phe Pro Lys Leu Gly Gly Pro Cys Cys Ser Gly Leu Cys Phe Phe Val
20 25 30

tgc gcc taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct 133
Cys Ala

<210> 143

<211> 34

<212> PRT

<213> Conus radiatus

<400> 143

Leu Asn Lys Lys Gly Asp Asp Cys Leu Ala Val Lys Lys Asn Cys Gly
1 5 10 15

Phe Pro Lys Leu Gly Gly Pro Cys Cys Ser Gly Leu Cys Phe Phe Val
20 25 30

Cys Ala

<210> 144

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus radiatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residues 14 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 144

Gly Asp Asp Cys Leu Ala Val Lys Lys Asn Cys Gly Phe Xaa Lys Leu

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(234)

<400> 148
 atg aaa ctg acg tgc gtg atg acc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ctg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30
 ttt cgg aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 aac aag aga gat ggg tgc tct aat gct ggt gca ttt tgt ggc atc cat 192
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
 50 55 60
 cca gga ctc tgc tgc agc gag att tgc att gtt tgg tgc aca 234
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Ile Cys Ile Val Trp Cys Thr
 65 70 75
 tgagtcgtat tctgctggta cattttgtgg ctccaacgga ggactctgct gcagcaacct 294
 ttgcttattt ttcgtgtgct taacatattc gtgatgtctt ctactcccat c 345

<210> 149
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> *Conus aurisiacus*

<400> 149
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30
 Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
 50 55 60
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Ile Cys Ile Val Trp Cys Thr
 65 70 75

<210> 150
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> *Conus aurisiacus*

<220>

<221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 150

Asp Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Ile Cys Ile Val Xaa Cys Thr
 20 25

<210> 151

<211> 412

<212> DNA

<213> *Conus purpurascens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(243)

<400> 151

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg act gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aaa aat gga ctg gag aat cat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
 20 25 30

ttt tgg aag gca cgt gac gaa atg aag aac cgc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

gac aaa aag gaa gcc tgc tat gcg cct ggt act ttt tgt ggc ata aag 192
 Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Ala Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
 50 55 60

ccc ggg cta tgc tgc agt gag ttt tgt ctc ccg ggc gtc tgc ttc ggt 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Leu Pro Gly Val Cys Phe Gly
 65 70 75 80

ggt taactgccgt gatgtctct actccctct gtgctacctg gcttgatctt 293
 Gly

tgatggcgt gtgcccttca ctggttatga acccactgat cttacctctc ttgaaggacc 353

tctggggctcc agcatccaaa taagcgacat cccaatgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 412

<210> 152

<211> 81

<212> PRT

<213> *Conus purpurascens*

<400> 152

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
20 25 30

Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Ala Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Leu Pro Gly Val Cys Phe Gly
65 70 75 80

Gly

<210> 153

<211> 29

<212> PRT

<213> Conus purpurascens

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 6, 14 and 24 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 153

Xaa Ala Cys Xaa Ala Xaa Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Leu Xaa Gly Val Cys Phe Gly
20 25

<210> 154

<211> 29

<212> PRT

<213> Conus purpurascens

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 6, 14 and 24 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 154

Xaa Ala Cys Xaa Ala Xaa Gly Thr Ala Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Leu Xaa Gly Val Cys Phe Gly
20 25

<210> 155
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus purpurascens*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 6, 14 and 24 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 155

Xaa Ala Cys Xaa Ala Xaa Gly Thr Phe Cys Gly Ala Lys Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Leu Xaa Gly Val Cys Phe Gly
 20 25

<210> 156
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus purpurascens*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 6, 14 and 24 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 156

Xaa Ala Cys Xaa Ala Xaa Gly Ala Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Leu Xaa Gly Val Cys Phe Gly
 20 25

<210> 157
 <211> 289
 <212> DNA
 <213> *Conus magus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(252)

<400> 157

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc acc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Thr
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ttg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

ttt cgg aag gca cgt cat gaa atg aag aac cct gaa gcc tct aaa ttg 144

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 aac aag aga gat ggg tgc tat aat gct ggt aca ttt tgt ggc atc cgt 192
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Tyr Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg
 50 55 60
 cca gga ctc tgc tgc agc gag ttt tgc ttt tta tgg tgc ata aca ttt 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80
 gtt gat tct ggc taacagtgtg cggttggttag tgttttctcc tcccctc 289
 Val Asp Ser Gly

<210> 158
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<400> 158

Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Thr
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Tyr Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg
 50 55 60
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80

Val Asp Ser Gly

<210> 159
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<220> .
 <221> SITE
 <222> (1)..(32)
 <223> Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Ty
 r, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or
 hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu;
 Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 159

Asp Gly Cys Xaa Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg Xaa Gly Leu

65

70

75

80

Phe Asp Phe

<210> 162

<211> 32

<212> PRT

<213> Conus magus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(32)

<223> Xaa at residue 2 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 5, 6 and 14 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 162

Asp Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Ala Ile Cys Leu Ser Phe Val Cys Ile Ser Phe Asp Phe
20 25 30

<210> 163

<211> 289

<212> DNA

<213> Conus magus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(252)

<400> 163

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gta ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ctg aag gat ctg 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asp Leu
20 25 30

ttt ccg aag gaa cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Pro Lys Glu Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

aac cag aga gaa gcc tgc tat aat gct ggt tca ttt tgt ggc atc cat 192
Asn Gln Arg Glu Ala Cys Tyr Asn Ala Gly Ser Phe Cys Gly Ile His
50 55 60

cca gga ctc tgc tgc agc gag ttt tgc att ctt tgg tgc ata aca ttt 240
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Ile Leu Trp Cys Ile Thr Phe
65 70 75 80

ggt gat tct gcc taactgtgtg cgttggtga tgtcttctcc tcccatc 289
Val Asp Ser Gly

<210> 164
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<400> 164

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asp Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Glu Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Gln Arg Glu Ala Cys Tyr Asn Ala Gly Ser Phe Cys Gly Ile His
 50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Ile Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80

Val Asp Ser Gly

<210> 165
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(32)

<223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 165

Xaa Ala Cys Xaa Asn Ala Gly Ser Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Ile Leu Xaa Cys Ile Thr Phe Val Asp Ser
 20 25 30

<210> 166
 <211> 271
 <212> DNA
 <213> Conus magus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(249)

<400> 166

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gta ctg ttc ttg acc gcc

48

Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ctg aag gat ctg 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asp Leu
 20 25 30
 ttt ccg aag gaa cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Pro Lys Glu Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 aac cag aga gaa gcc tgc tat aat gct ggt aca ttt tgt ggc atc aaa 192
 Asn Gln Arg Glu Ala Cys Tyr Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
 50 55 60
 cca gga ctt tgc tgc agc gcg ata tgc tta tcg ttt gtc tgc ata tca 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Ala Ile Cys Leu Ser Phe Val Cys Ile Ser
 65 70 75 80
 ttt gat ttg attgatgtct tctctctccc tc 271
 Phe Asp Leu

<210> 167
 <211> 83
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<400> 167

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

<210> 168
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus magus

<220>
 <221> SITE
 <222> {1}..(32)
 <223> Xaa at residue 1 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue

4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 168

Xaa Ala Cys Xaa Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
1 5 10 15
Cys Cys Ser Ala Ile Cys Leu Ser Phe Val Cys Ile Ser Phe Asp Phe
20 25 30

<210> 169

<211> 272

<212> DNA

<213> Conus ermineus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(243)

<400> 169

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg act gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aaa aat gga ctg gag aat cat 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
20 25 30
ttt tgg aag gca cgt gac gaa atg aag aac cgc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
gac aaa aag gaa gcc tgc tat ccg cct ggt act ttt tgt ggc ata aag 192
Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Pro Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
50 55 60
ccc ggg cta tgc tgc agt gag ttg tgt tta ccg gcc gtc tgc gtc ggt 240
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Pro Ala Val Cys Val Gly
65 70 75 80
ggt taactgccgt gatgtcttct cctcccctc 272
Gly

<210> 170

<211> 81

<212> PRT

<213> Conus ermineus

<400> 170

Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
20 25 30
Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Pro Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
 50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Pro Ala Val Cys Val Gly
 65 70 75 80

Gly

<210> 171
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus ermineus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 5, 6, 14 and 24 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 171

Xaa Ala Cys Xaa Xaa Xaa Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Leu Cys Leu Xaa Ala Val Cys Val Gly
 20 25

<210> 172
 <211> 272
 <212> DNA
 <213> *Conus purpurascens*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(243)

<400> 172

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg act gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aaa aat gga ctg gag aat cat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
 20 25 30

ttt tgg aag gca cgt gac gaa atg aag aac cgc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

gac aaa aag gaa gcc tgc tat ccg cct ggt act ttt tgt ggc ata aag 192
 Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Pro Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
 50 55 60

ccc ggg cta tgc tgc agt gag ttg tgt tta ccg gcc gtc tgc gtc ggt 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Pro Ala Val Cys Val Gly

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(246)

<400> 175

```

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc act      48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Thr
1                               5                               10          15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ttg aag aat ctt      96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
                               20                               25          30

ttt ccg aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg      144
Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
                               35                               40          45

aac aag aga gaa ggg tgc tct agt ggt ggt aca ttt tgt ggc atc cat      192
Asn Lys Arg Glu Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His
                               50                               55          60

cca gga ctc tgc tgc agc gag ttt tgc ttt ctt tgg tgc ata aca ttt      240
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
65                               70                               75          80

att gat tgatgtcttc tctcccctc      266
Ile Asp

```

<210> 176
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> *Conus striatus*

<400> 176

```

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
                               20                               25          30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
                               35                               40          45

Asn Lys Arg Glu Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His
50                               55                               60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
65                               70                               75          80

Ile Asp

```

<210> 177
 <211> 31

<212> PRT
<213> Conus striatus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(31)
<223> Xaa at residues 1 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 177

Xaa Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Phe Leu Xaa Cys Ile Thr Phe Ile Asp
20 25 30

<210> 178
<211> 266
<212> DNA
<213> Conus striatus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(246)

<400> 178

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc act 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Thr
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ttg aag aat ctt 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
20 25 30

ttt cag aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

aac aag aga gat ggg tgc tct agt ggt ggt aca ttt tgt ggc atc cat 192
Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His
50 55 60

cca gga ctc tgc tgc agc gag ttt tgc ttt ctt tgg tgc ata aca ttt 240
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
65 70 75 80

att gat tgatgtcttc tctcccctc 266
Ile Asp

<210> 179
<211> 82
<212> PRT
<213> Conus striatus

<400> 179

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His
50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
65 70 75 80

Ile Asp

<210> 180

<211> 31

<212> PRT

<213> Conus striatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 180

Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Phe Leu Xaa Cys Ile Thr Phe Ile Asp
20 25 30

<210> 181

<211> 31

<212> PRT

<213> Conus striolatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residues 6 and 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 31 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 181

Ser Lys Cys Phe Ser Xaa Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Val Arg Cys Phe Ser Leu Phe Cys Ile Ser Phe Xaa
20 25 30

<210> 182

<211> 345

<212> DNA
<213> Conus catus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(234)

<400> 182
atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ctg aag aat ctt 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
20 25 30
ttt ccg aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
aac aag aga tat ggg tgc tct aat gct ggt gca ttt tgt ggc atc cat 192
Asn Lys Arg Tyr Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
50 55 60
cca gga ctc tgc tgc agc gag ctt tgc ctg gtt tgg tgc aca 234
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Val Trp Cys Thr
65 70 75
tgagtgetat tcttctggta cttttgtgg ctccaacgga ggactctgct gcagcaacct 294
ttgcttattt tegtgtgctt aacatttctg gatgtcttct ctattccct c 345

<210> 183
<211> 78
<212> PRT
<213> Conus catus

<400> 183
Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
20 25 30
Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45
Asn Lys Arg Tyr Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
50 55 60
Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Val Trp Cys Thr
65 70 75

<210> 184
<211> 27
<212> PRT
<213> Conus catus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 1 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 184

Xaa Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Leu Cys Leu Val Xaa Cys Thr
 20 25

<210> 185
 <211> 345
 <212> DNA
 <213> Conus catus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(234)

<400> 185

atg aaa ctg acg tgt atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga tat gga ctg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

ttt ccg aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

aac aag aga tat ggg tgc tct aat gct ggt gca ttt tgt ggc atc cat 192
 Asn Lys Arg Tyr Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
 50 55 60

cca gga ctc tgc tgc agc gag ctt tgc ctg ggt tgg tgc aca 234
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Gly Trp Cys Thr
 65 70 75

tgagtgtat tctactgcta cttttgtgg cttcaacgga ggactctgct gcagcaacct 294

ttgcttattt tcgtgtgctt aacatttcgt gatgtcttct ctattcccct c 345

<210> 186
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Conus catus

<400> 186

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Tyr Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His
50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Gly Trp Cys Thr
65 70 75

<210> 187

<211> 27

<212> PRT

<213> Conus catus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 1 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 187

Xaa Gly Cys Ser Asn Ala Gly Ala Phe Cys Gly Ile His Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Leu Cys Leu Gly Xaa Cys Thr
20 25

<210> 188

<211> 266

<212> DNA

<213> Conus distans

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 188

atg aaa ctg acg tgt ctg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctc 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

tct ccg aag gca cct cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa tog 144
Ser Pro Lys Ala Pro His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
35 40 45

aac aag aga tat gag tgc tat cta ctg gta cat ttt tgt ggc atc aac 192
Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Leu Leu Val His Phe Cys Gly Ile Asn
50 55 60

gga gga ctc tgc tgc agc aac ctt tgc tta ttt ttc gtg tgc tta aca 240
 Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
 65 70 75 80

ttt tgc tgatgtcttc tctcccatc 266
 Phe Ser

<210> 189
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Conus distans

<400> 189

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Ser Pro Lys Ala Pro His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
 35 40 45

Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Leu Leu Val His Phe Cys Gly Ile Asn
 50 55 60

Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
 65 70 75 80

Phe Ser

<210> 190
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus distans

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residues 1 and 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-
 iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 2 may be
 Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 190

Xaa Xaa Cys Xaa Leu Leu Val His Phe Cys Gly Ile Asn Gly Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr Phe Ser
 20 25 30

<210> 191
 <211> 113
 <212> DNA

<213> Conus regius

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(93)

<400> 191

ttg agc aag aga gac tgc ctt cct gac tac acg att tgt gcc ttc aat 48
 Leu Ser Lys Arg Asp Cys Leu Pro Asp Tyr Thr Ile Cys Ala Phe Asn
 1 5 10 15

atg ggt ctg tgc tgc agc gac aag tgc atg ctc gtc tgc ctg ccg 93
 Met Gly Leu Cys Cys Ser Asp Lys Cys Met Leu Val Cys Leu Pro
 20 25 30

tgatgtattc tctccocctc 113

<210> 192

<211> 31

<212> PRT

<213> Conus regius

<400> 192

Leu Ser Lys Arg Asp Cys Leu Pro Asp Tyr Thr Ile Cys Ala Phe Asn
 1 5 10 15

Met Gly Leu Cys Cys Ser Asp Lys Cys Met Leu Val Cys Leu Pro
 20 25 30

<210> 193

<211> 27

<212> PRT

<213> Conus regius

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residues 5 and 27 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue
 e 7 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr
 or O-phospho-Tyr

<400> 193

Asp Cys Leu Xaa Asp Xaa Thr Ile Cys Ala Phe Asn Met Gly Leu Cys
 1 5 10 15

Cys Ser Asp Lys Cys Met Leu Val Cys Leu Xaa
 20 25

<210> 194

<211> 116

<212> DNA

<213> Conus regius

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(96)

<400> 194

ttg aac aag aga atc atc tgc ttt cct gac tac atg ttt tgt ggc gtc 48
 Leu Asn Lys Arg Ile Ile Cys Phe Pro Asp Tyr Met Phe Cys Gly Val
 1 5 10 15

aat gtg ttt ctg tgc tgc agt ggc aac tgc ctt ctc atc tgc gtg ccg 96
 Asn Val Phe Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Leu Leu Ile Cys Val Pro
 20 25 30

tgatgtcttc taactcccctc 116

<210> 195
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus regius

<400> 195

Leu Asn Lys Arg Ile Ile Cys Phe Pro Asp Tyr Met Phe Cys Gly Val
 1 5 10 15

Asn Val Phe Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Leu Leu Ile Cys Val Pro
 20 25 30

<210> 196
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> Conus regius

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(28)
 <223> Xaa at residues 5 and 28 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residu
 e 7 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-T
 yr or O-phospho-Tyr

<400> 196

Ile Ile Cys Gly Xaa Asp Xaa Met Phe Cys Gly Val Asn Val Phe Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Asn Cys Leu Leu Ile Cys Val Xaa
 20 25

<210> 197
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Conus gloriamaris

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(228)

<400> 197

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc aat gcg ttg gag aat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

ctt tat ctg aag gca cat cat gaa atg aac aac ccc gaa gac tct gaa 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

ttg aac aag agg tgc tat gat ggt ggg aca ggt tgt gac tct gga aac 192
 Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn
 50 55 60

caa tgc tgc agt ggc tgg tgc att ttc gcc tgc ctc taaaactgctc 238
 Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Ala Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtctt ctctccct c 259

<210> 198

<211> 76

<212> PRT

<213> Conus gloriamaris

<400> 198

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn
 50 55 60

Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Ala Cys Leu
 65 70 75

<210> 199

<211> 24

<212> PRT

<213> Conus gloriamaris

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(24)

<223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr,
 r, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 18 may be Trp or
 bromo-Trp

<400> 199

Cys Xaa Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn Gln Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Phe Ala Cys Leu
 20

<210> 200
 <211> 258
 <212> DNA
 <213> Conus dalli

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(228)

<400> 200

atg aaa ctg acg tgc att atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Ile Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc aat gcg ttg gag aat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

ctt tat ctg aag gca cat cat gaa atg aac aac ccc gag gac tct gaa 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

ttg aac aag agg tgc tat gat ggt ggg aca ggt tgt gac tct gga aac 192
 Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn
 50 55 60

caa tgc tgc agt ggc tgg tgc att ttc gtc tgc ctc taaaactgcc 238
 Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Val Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtctt ctctccatc 258

<210> 201
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<400> 201

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn
 50 55 60

Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 202
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(24)
 <223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 18 may be Trp or bromo-Trp

<400> 202

Cys Xaa Asp Gly Gly Thr Gly Cys Asp Ser Gly Asn Gln Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Phe Val Cys Leu
 20

<210> 203
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Conus pennaceus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(228)

<400> 203

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca gtc gtc acg gct gtg cct cac tcc aac aag cgg ttg gcg aat 96
 Trp Thr Val Val Thr Ala Val Pro His Ser Asn Lys Arg Leu Ala Asn
 20 25 30

ctt tat ctg aag gca cgt cac gaa atg aaa aac ccc gaa gcc tct aat 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Asn
 35 40 45

gtg gac aag agg tgc ttt gag agt tgg gta gct tgt gag tct cca aaa 192
 Val Asp Lys Arg Cys Phe Glu Ser Trp Val Ala Cys Glu Ser Pro Lys
 50 55 60

cga tgc tgc agt cac gtg tgc ctt ttc gtc tgc acc tgaaactgcc 238
 Arg Cys Cys Ser His Val Cys Leu Phe Val Cys Thr
 65 70 75

gtgatgtctt ctctccct c 259

<210> 204
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus pennaceus

<400> 204

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

Trp Thr Val Val Thr Ala Val Pro His Ser Asn Lys Arg Leu Ala Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Asn
35 40 45

Val Asp Lys Arg Cys Phe Glu Ser Trp Val Ala Cys Glu Ser Pro Lys
50 55 60

Arg Cys Cys Ser His Val Cys Leu Phe Val Cys Thr
65 70 75

<210> 205
<211> 24
<212> PRT
<213> Conus pennaceus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(24)
<223> Xaa at residues 3 and 9 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
esidue 5 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 11 may be Pro o
r hydroxy-Pro

<400> 205

Cys Phe Xaa Ser Xaa Val Ala Cys Xaa Ser Xaa Lys Arg Cys Cys Ser
1 5 10 15

His Val Cys Leu Phe Val Cys Thr
20

<210> 206
<211> 253
<212> DNA
<213> Conus distans

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(228)

<400> 206

atg aaa ctg acg tgt atg ttg atc atc gct gtg ctg ttc ctg acg gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Met Leu Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgt caa ctc tct aca aat gcg agt tac gcc aga agt aag cag aag cat 96
Cys Gln Leu Ser Thr Asn Ala Ser Tyr Ala Arg Ser Lys Gln Lys His
20 25 30

ogt gtt ctg agg tcg act gac aaa aac tcc aag ttg acc cag cgt tgc 144
Arg Val Leu Arg Ser Thr Asp Lys Asn Ser Lys Leu Thr Gln Arg Cys
35 40 45

aat gaa gct caa gaa cat tgc act caa aat cct gac tgc tgc agt gag 192
Asn Glu Ala Gln Glu His Cys Thr Gln Asn Pro Asp Cys Cys Ser Glu
50 55 60

tct tgc aat aag ttt gtc ggc aga tgc ttg tca gac tgatctgatg 238
Ser Cys Asn Lys Phe Val Gly Arg Cys Leu Ser Asp
65 70 75

tcttctcctc ccac

253

<210> 207
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> *Conus distans*

<400> 207

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

Cys Gln Leu Ser Thr Asn Ala Ser Tyr Ala Arg Ser Lys Gln Lys His
 20 25 30

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

Asn Glu Ala Gln Glu His Cys Thr Gln Asn Pro Asp Cys Cys Ser Glu
 50 55 60

Ser Cys Asn Lys Phe Val Gly Arg Cys Leu Ser Asp
 65 70 75

<210> 208
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus distans*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residues 3, 6 and 17 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa
 at residue 12 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 208

Cys Asn Xaa Ala Gln Xaa His Cys Thr Gln Asn Xaa Asp Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Xaa Ser Cys Asn Lys Phe Val Gly Arg Cys Leu Ser Asp
 20 25

<210> 209
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> *Conus ammiralis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(228)

<400> 209

atg aaa ctg acg tgc ctg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

48

tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct gac tcc agc aat gcg ttg gag aat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro Asp Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

ctt tat ctg aag gca cat cat gaa atg aac aac ccc gaa gac tct gaa 144
 Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

ttg aac aag agg tgc tat gat ggt ggg aca agt tgt aac act gga aac 192
 Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn
 50 55 60

caa tgc tgc agt ggc tgg tgc att ttc ctc tgc ctc taaaactgcc 238
 Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Leu Cys Leu
 65 70 75

gtgatgtctt ctcttccct c 259

<210> 210
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus ammiralis

<400> 210

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro Asp Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu
 35 40 45

Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Gly Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn
 50 55 60

Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Leu Cys Leu
 65 70 75

<210> 211
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Conus ammiralis

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(24)
 <223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr,
 O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 18 may be Trp or
 bromo-Trp

<400> 211

Cys Xaa Asp Gly Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Phe Leu Cys Leu
20

<210> 212
<211> 286
<212> DNA
<213> Conus textile

<220>
<221> CDS
<222> (25)..(255)

<400> 212
ggcattacct aaaacatcac caag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt 51
Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val
1 5

gct gtg ctg ttc ttg acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gcg cct cac 99
Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Ala Pro His
10 15 20 25

tcc agc aat gcg ttg gag aat ctt tat ctg aag gca cat cat gaa atg 147
Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met
30 35 40

aac aac ccc gaa gcc tct gaa ttg aac aag agg tgc tat gat agt ggg 195
Asn Asn Pro Glu Ala Ser Glu Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Ser Gly
45 50 55

aca agt tgt aac act gga aac caa tgc tgc agt ggc tgg tgc att ttc 243
Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe
60 65 70

gtc tct tgc ctc taaaactacc gtgatgtctt ctctccct c 286
Val Ser Cys Leu
75

<210> 213
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus textile

<400> 213

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Ala Pro His Ser Ser Asn Ala Leu Glu Asn
20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Ala Ser Glu
35 40 45

Leu Asn Lys Arg Cys Tyr Asp Ser Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn
50 55 60

Gln Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ile Phe Val Ser Cys Leu
65 70 75

<210> 214
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus textile

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 18 may be Trp or bromo-Trp

<400> 214

Cys Xaa Asp Ser Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Phe Val Ser Cys Leu
 20 25

<210> 215
 <211> 272
 <212> DNA
 <213> Conus gloriamaris

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(252)

<400> 215

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ctg aca gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg acg cta gtc atg gct gat gac tcc aac aat gga ctg gcg aat ctt 96
 Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
 20 25 30

ttt tcg aaa tca cgt gac gaa atg gag gac ccc gaa gct tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

gag aaa agg gat tgc caa gca cta tgg gat tat tgt cca gta ccg ctc 192
 Glu Lys Arg Asp Cys Gln Ala Leu Trp Asp Tyr Cys Pro Val Pro Leu
 50 55 60

ttg tca tcg ggt gat tgc tgc tat ggc tta atc tgt ggc cct ttc gtc 240
 Leu Ser Ser Gly Asp Cys Cys Tyr Gly Leu Ile Cys Gly Pro Phe Val
 65 70 75 80

tgc att gga tgg tgatgtcttc tactcccatc 272
 Cys Ile Gly Trp

<210> 216
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Conus gloriamaris

<400> 216

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

Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
20 25 30

Phe Ser Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Glu Lys Arg Asp Cys Gln Ala Leu Trp Asp Tyr Cys Pro Val Pro Leu
50 55 60

Leu Ser Ser Gly Asp Cys Cys Tyr Gly Leu Ile Cys Gly Pro Phe Val
65 70 75 80

Cys Ile Gly Trp

<210> 217
<211> 33
<212> PRT
<213> Conus gloriamaris

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(33)
<223> Xaa at residues 6 and 33 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues
8 and 21 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-su
lpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 10, 12 and 27 may be P
ro or hydroxy-Pro

<400> 217

Asp Cys Gln Ala Leu Xaa Asp Xaa Cys Xaa Val Xaa Leu Leu Ser Ser
1 5 10 15

Gly Asp Cys Cys Xaa Gly Leu Ile Cys Gly Xaa Phe Val Cys Ile Gly
20 25 30

Xaa

<210> 218
<211> 275
<212> DNA
<213> Conus omaria

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(249)

<400> 218

atg aaa ctg acg tgc ctg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc atg gct gat gac tcc aac aat gga ctg gca aat ctt 96

Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
 20 25 30
 ttc tcg aaa tca cgt gac gaa atg gag gat acc gat oct tct aaa ttg 144
 Phe Ser Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Thr Asp Pro Ser Lys Leu
 35 40 45
 gag aac aga aaa act tgc caa aga agg tgg gat ttt tgt cca gga tcg 192
 Glu Asn Arg Lys Thr Cys Gln Arg Arg Trp Asp Phe Cys Pro Gly Ser
 50 55 60
 ctc gtt gga gtg ata act tgc tgc ggt ggc tta atc tgt ttt ctg ttc 240
 Leu Val Gly Val Ile Thr Cys Cys Gly Gly Leu Ile Cys Phe Leu Phe
 65 70 75 80
 ttc tgc gtt tgatagtgat gctcttctcc tcccct 275
 Phe Cys Val

<210> 219
 <211> 83
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 219

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

Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Thr Asp Pro Ser Lys Leu
 35 40 45

Glu Asn Arg Lys Thr Cys Gln Arg Arg Trp Asp Phe Cys Pro Gly Ser
 50 55 60

Leu Val Gly Val Ile Thr Cys Cys Gly Gly Leu Ile Cys Phe Leu Phe
 65 70 75 80

Phe Cys Val

<210> 220
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(32)
 <223> Xaa at residue 7 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 10 may be
 e Pro or hydroxy-Pro

<400> 220

Lys Thr Cys Gln Arg Arg Xaa Asp Phe Cys Xaa Gly Ser Leu Val Gly
1 5 10 15

Val Ile Thr Cys Cys Gly Gly Leu Ile Cys Phe Leu Phe Phe Cys Val
20 25 30

<210> 221
<211> 274
<212> DNA
<213> Conus dalli

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(246)

<400> 221
atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ctg aca gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
tgg acg cta gtc atg gct gat gac tcc aac aat gga ctg gcg aat ctt 96
Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
20 25 30
ttt tcg aaa tta cgt gac gaa atg gag gac ccc gaa ggt tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Leu Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Gly Ser Lys Leu
35 40 45
gag aaa aag gat tgc caa gaa aaa tgg gat tat tgt cca gta ccg ttc 192
Glu Lys Lys Asp Cys Gln Glu Lys Trp Asp Tyr Cys Pro Val Pro Phe
50 55 60
ttg gga tcg agg tat tgc tgc gat ggc ttt atc tgt cca tct ttc ttc 240
Leu Gly Ser Arg Tyr Cys Asp Gly Phe Ile Cys Pro Ser Phe Phe
65 70 75 80
tgc gct tgatagtgat gtcttctcta ttcccctc 274
Cys Ala

<210> 222
<211> 82
<212> PRT
<213> Conus dalli

<400> 222
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15
Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn Leu
20 25 30
Phe Ser Lys Leu Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Gly Ser Lys Leu
35 40 45
Glu Lys Lys Asp Cys Gln Glu Lys Trp Asp Tyr Cys Pro Val Pro Phe
50 55 60

Leu Gly Ser Arg Tyr Cys Cys Asp Gly Phe Ile Cys Pro Ser Phe Phe
65 70 75 80

Cys Ala

<210> 223

<211> 31

<212> PRT

<213> Conus dalli

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 4 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 6 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 8 and 18 may be Tyr, 1 25-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 10, 12 and 26 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 223

Asp Cys Gln Xaa Lys Xaa Asp Xaa Cys Xaa Val Xaa Phe Leu Gly Ser
1 5 10 15

Arg Xaa Cys Cys Asp Gly Phe Ile Cys Xaa Ser Phe Phe Cys Ala
20 25 30

<210> 224

<211> 271

<212> DNA

<213> Conus dalli

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(252)

<400> 224

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ttg ttc ctg aca gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg acg cta gtc atg gct gat gac tcc aac aat gga ctg gcg aat cat 96
Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn His
20 25 30

ttt tgg aaa tca cgt gac gaa atg gag gac oct gaa gct tct aaa ttg 144
Phe Trp Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

gag aaa agg gat tgc caa ggc gaa tgg gag ttt tgt ata gta ccg gtc 192
Glu Lys Arg Asp Cys Gln Gly Glu Trp Glu Phe Cys Ile Val Pro Val
50 55 60

ctt gga ttt gtg tat tgc tgc ccc tgg ctt atc tgt ggc cct ttc gtc 240
Leu Gly Phe Val Tyr Cys Cys Pro Trp Leu Ile Cys Gly Pro Phe Val
65 70 75 80

tgc gtt gat atc tgatgtcttc tatccctc 271
Cys Val Asp Ile

<210> 225
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<400> 225

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

Trp Thr Leu Val Met Ala Asp Asp Ser Asn Asn Gly Leu Ala Asn His
 20 25 30

Phe Trp Lys Ser Arg Asp Glu Met Glu Asp Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Glu Lys Arg Asp Cys Gln Gly Glu Trp Glu Phe Cys Ile Val Pro Val
 50 55 60

Leu Gly Phe Val Tyr Cys Cys Pro Trp Leu Ile Cys Gly Pro Phe Val
 65 70 75 80

Cys Val Asp Ile

<210> 226
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> Conus dalli

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(33)

<223> Xaa at residues 5 and 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidues 6 and 22 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 12, 21
 and 27 may be Pro or hydroxy-Pro;

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(33)

<223> Xaa at residue 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-T
 yr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 226

Asp Cys Gln Gly Xaa Xaa Xaa Phe Cys Ile Val Xaa Val Leu Gly Phe
 1 5 10 15

Val Xaa Cys Cys Xaa Xaa Leu Ile Cys Gly Xaa Phe Val Cys Val Asp
 20 25 30

Ile

<210> 227
 <211> 265
 <212> DNA
 <213> Conus pennaceus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(234)

<400> 227
 atg aaa ctg acg tgc ctg atg atc att gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc atg gct gat gac ccc aga gat gaa ccg gag gca cgt 96
 Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Pro Arg Asp Glu Pro Glu Ala Arg
 20 25 30
 gac gaa atg aac ccc gca gcc tct aaa ttg aac gag aga ggc tgc ctt 144
 Asp Glu Met Asn Pro Ala Ala Ser Lys Leu Asn Glu Arg Gly Cys Leu
 35 40 45
 gaa gtt gat tat ttt tgc ggc ata cgg ttt gtg aac aac ggg cta tgc 192
 Glu Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe Val Asn Asn Gly Leu Cys
 50 55 60
 tgc agt ggc aat tgt gtt ttt gtc tgc aca ccc caa ggg aag 234
 Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Pro Gln Gly Lys
 65 70 75
 taaaactgct gtgatgtctt ctcttcccat c 265

<210> 228
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Conus pennaceus

<400> 228
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Pro Arg Asp Glu Pro Glu Ala Arg
 20 25 30
 Asp Glu Met Asn Pro Ala Ala Ser Lys Leu Asn Glu Arg Gly Cys Leu
 35 40 45
 Glu Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe Val Asn Asn Gly Leu Cys
 50 55 60
 Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Pro Gln Gly Lys
 65 70 75

<210> 229
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus pennaceus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 4 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 7 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 12 and 30 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 229

Gly Cys Leu Xaa Val Asp Xaa Phe Cys Gly Ile Xaa Phe Val Asn Asn
1 5 10 15

Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Xaa Gln
20 25 30

<210> 230

<211> 428

<212> DNA

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> CDS

<222> (122)..(229)

<400> 230

ggtegacatc atcatcatcg atccatctgt ccacccatct gtccatccat ccattcattc 60

attcactgcc aaactgtcat aaatatttga gtctctcttt ctgtttttat ctgacagatt 120

g aac gag aga gac tgc ctt aat gtt gat tat ttt tgc ggc ata cgg ttt 169
Asn Glu Arg Asp Cys Leu Asn Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe
1 5 10 15

gtg aac aac ggg cta tgc tgc agt ggc aat tgt gtt ttt gtc tgc aca 217
Val Asn Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr
20 25 30

ccc caa ggg aag taaaactgcc gtgatgtctt ctottccoot ctagttagtag 269
Pro Gln Gly Lys
35

taggcggcgg ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg catgogacgt catagctctt 329

ctatagtgtc acctaaattc aattcactgg cgtccgcttt tacaacgtcg tgactgggaa 389

aaccctggcg ttaccaact taatgcctt gcagcacat 428

<210> 231

<211> 36

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<400> 231

Asn Glu Arg Asp Cys Leu Asn Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe
1 5 10 15

Val Asn Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr
20 25 30

Pro Gln Gly Lys
35

<210> 232
<211> 30
<212> PRT
<213> Conus marmoreus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(30)
<223> Xaa at residue 6 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 11 and 29 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 232

Cys Leu Asn Val Asp Xaa Phe Cys Gly Ile Xaa Phe Val Asn Asn Gly
1 5 10 15

Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Xaa Gln
20 25 30

<210> 233
<211> 227
<212> DNA
<213> Conus marmoreus

<220>
<221> CDS
<222> (105)..(224)

<400> 233

tgcacatcat catcatcgat ccctctgtcc atccatccat tcattcattc gctgccaaac 60

tgtcataaat atttgagtct ctctttctgt ttttatctga caga ttg gac aag aga 116
Leu Asp Lys Arg
1

gag tgc ctg gaa gct gat tat tat tgc gtc tta ccg ttt gtg ggc aac 164
Glu Cys Leu Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Val Leu Pro Phe Val Gly Asn
5 10 15 20

ggg atg tgc tgc agt ggc att tgt gtt ttt gtc tgc ata gcc caa cgc 212
Gly Met Cys Cys Ser Gly Ile Cys Val Phe Val Cys Ile Ala Gln Arg
25 30 35

ttt aaa acc gtc tga 227
Phe Lys Thr Val
40

<210> 234
<211> 40
<212> PRT
<213> Conus marmoreus

<400> 234

Leu Asp Lys Arg Glu Cys Leu Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Val Leu Pro

atagctcttc tatagtgtca cctaaattca attcactggc cgtcgtttta caacgtcgtg 391
 actgggaaaa cctggcggtt acccaactta atcgccttgc agcacatccc cctttgcca 451
 gctggcgtaa tagccgaaga ggcccgcacc gatcgcctt cccaacagtt ggcgagcctg 511
 aatggcgaat gggg 525

<210> 237
 <211> 37
 <212> PRT
 <213> Conus marmoreus
 <400> 237

Leu Asn Glu Arg Asp Cys Leu Glu Pro Asp Tyr Val Cys Gly Ile Pro
 1 5 10 15

Phe Val Phe Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gly Ile Cys Val Phe Ile Cys
 20 25 30

Ile Ala Gln Lys Tyr
 35

<210> 238
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> Conus marmoreus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(33)
 <223> Xaa at residue 4 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
 5 and 12 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 7 and 33 may
 be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-
 -phospho-Tyr

<400> 238

Asp Cys Leu Xaa Xaa Asp Xaa Val Cys Gly Ile Xaa Phe Val Phe Asn
 1 5 10 15

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

Xaa

<210> 239
 <211> 537
 <212> DNA
 <213> Conus marmoreus

<220>
 <221> CDS
 <222> (146)..(247)

<400> 239
 ggtacgcctg caggtaccgg tccggaattc cggggtcgac atcatcatca tcatcgatcc 60

Val Xaa Cys Cys Xaa Gly Leu Ile Cys Gly Xaa Phe Val Cys Val
 20 25 30

<210> 242
 <211> 552
 <212> DNA
 <213> Conus omaria

<220>
 <221> CDS
 <222> (149)..(271)

<400> 242
 aaagccggta cgctgcagg taccggtccg gaattccggg gtcgacatca tcatcatcat 60
 cgatccatct gtccatccat ccattcattc attcactgcc aaactgtcat aaatatttga 120
 gtctctcttt ctgtttttat ctgacaga ttg aac gag aga gac tgc ctt aat 172
 Leu Asn Glu Arg Asp Cys Leu Asn
 1 5
 gtt gat tat ttt tgt ggc ata ccg ttt gtg aac aac ggg cta tgc tgc 220
 Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe Val Asn Asn Gly Leu Cys Cys
 10 15 20
 agt ggc aat tgt gtt ttt tgt ctg cac acc cca agg gaa gta aaa ctg 268
 Ser Gly Asn Cys Val Phe Cys Leu His Thr Pro Arg Glu Val Lys Leu
 25 30 35 40
 ccg tgatgtcttc tcttccctc tagtagtagt aggcggccgc tctagaggat 321
 Pro

ccaagcttac gtaacgctgc atgcgacgtc atagctcttc tatagtgtca cctaaattca 381
 attcactggc cgtcgtttta caacgtcgtg actgggaaaa cctggcgtt acccaactta 441
 atgccttgc agcacatccc cctttcgcca gctggcgtaa tagcgaagag gcccgacaccg 501
 atgcaccttc ccaacagttg cgcagcctga atggcgaatg ggacgcgcc t 552

<210> 243
 <211> 41
 <212> PRT
 <213> Conus omaria

<400> 243

Leu Asn Glu Arg Asp Cys Leu Asn Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro
 1 5 10 15

Phe Val Asn Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Cys Leu
 20 25 30

His Thr Pro Arg Glu Val Lys Leu Pro
 35 40

<210> 244
 <211> 37
 <212> PRT

<213> Conus omaria

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(37)

<223> Xaa at residue 7 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 12, 31 and 37 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 33 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 244

Asp Cys Leu Asn Val Asp Xaa Phe Cys Gly Ile Xaa Phe Val Asn Asn
1 5 10 15

Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Cys Leu His Thr Xaa Arg
20 25 30

Xaa Val Lys Leu Xaa
35

<210> 245

<211> 212

<212> DNA

<213> Conus obscurus

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(181)

<400> 245

cgatccatct gtccatccat ccattcattc attcattgcc aaactgtaac aaatattcaa 60

gtctctotitt ctgttttgtt ctgac aga tgc aaa cgg tgc ctt gtt tac ggt 112
Arg Ser Lys Arg Cys Leu Val Tyr Gly
1 5

aca cct tgt gac tgg ctg acc att gcg ggt atg gag tgc tgc agt aaa 160
Thr Pro Cys Asp Trp Leu Thr Ile Ala Gly Met Glu Cys Cys Ser Lys
10 15 20 25

aag tgc ttt atg atg tgc tgg taaaactgcc gtgatgtctt ctactccct c 212
Lys Cys Phe Met Met Cys Trp
30

<210> 246

<211> 32

<212> PRT

<213> Conus obscurus

<400> 246

Arg Ser Lys Arg Cys Leu Val Tyr Gly Thr Pro Cys Asp Trp Leu Thr
1 5 10 15

Ile Ala Gly Met Glu Cys Cys Ser Lys Lys Cys Phe Met Met Cys Trp
20 25 30

<210> 247

<211> 28

<212> PRT
<213> Conus obscurus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(28)
<223> Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 7 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 10 and 28 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 17 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 247

Cys Leu Val Xaa Gly Thr Xaa Cys Asp Xaa Leu Thr Ile Ala Gly Met
1 5 10 15

Xaa Cys Cys Ser Lys Lys Cys Phe Met Met Cys Xaa
20 25

<210> 248
<211> 139
<212> DNA
<213> Conus radiatus

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(109)

<400> 248

a ttg aac cag aga gac tgc cat gaa gtt ggt gaa ttt tgt ggc tta ccg 49
Leu Asn Gln Arg Asp Cys His Glu Val Gly Glu Phe Cys Gly Leu Pro
1 5 10 15

tta ata aag aac ggg cta tgc tgc agt cag att tgt tta ggt gtc tgc 97
Leu Ile Lys Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gln Ile Cys Leu Gly Val Cys
20 25 30

gca aaa gtg ttt taaaactgcc gtgatgtctt ctactccat 139
Ala Lys Val Phe
35

<210> 249
<211> 36
<212> PRT
<213> Conus radiatus

<400> 249

Leu Asn Gln Arg Asp Cys His Glu Val Gly Glu Phe Cys Gly Leu Pro
1 5 10 15

Leu Ile Lys Asn Gly Leu Cys Cys Ser Gln Ile Cys Leu Gly Val Cys
20 25 30

Ala Lys Val Phe
35

<210> 250
<211> 32

<212> PRT
<213> Conus radiatus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(32)
<223> Xaa at residues 4 and 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 12 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 250

Asp Cys His Xaa Val Gly Xaa Phe Cys Gly Leu Xaa Leu Ile Lys Asn
1 5 10 15
Gly Leu Cys Cys Ser Gln Ile Cys Leu Gly Val Cys Ala Lys Val Phe
20 25 30

<210> 251
<211> 133
<212> DNA
<213> Conus radiatus

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(100)

<400> 251

a tta gac aag aaa gag tgc act gcc aat ggt gaa ttt tgt ggc ata tcg 49
Leu Asp Lys Lys Glu Cys Thr Ala Asn Gly Glu Phe Cys Gly Ile Ser
1 5 10 15
gtc ttt gga agc tac cta tgc tgc agt ggc cgg tgt gta ttc gtc tgc 97
Val Phe Gly Ser Tyr Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Val Phe Val Cys
20 25 30
atc tagttgaact gccgtgatgt ctctactcc cct 133
Ile

<210> 252
<211> 33
<212> PRT
<213> Conus radiatus

<400> 252

Leu Asp Lys Lys Glu Cys Thr Ala Asn Gly Glu Phe Cys Gly Ile Ser
1 5 10 15
Val Phe Gly Ser Tyr Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Val Phe Val Cys
20 25 30

Ile

<210> 253
<211> 29
<212> PRT
<213> Conus radiatus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 1 and 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at r
 esidue 17 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-su
 lpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 253

Xaa Cys Thr Ala Asn Gly Xaa Phe Cys Gly Ile Ser Val Phe Gly Ser
 1 5 10 15

Xaa Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Val Phe Val Cys Ile
 20 25

<210> 254
 <211> 133
 <212> DNA
 <213> *Conus radiatus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (2)..(100)

<400> 254

a ttg gac aag aaa gag tgc act acc aat ggt gaa ttt tgt ggc ata tcg 49
 Leu Asp Lys Lys Glu Cys Thr Thr Asn Gly Glu Phe Cys Gly Ile Ser
 1 5 10 15

gtc ttt gca agc ttc cta tgc tgc agt ggc ctg tgt gta ttc gtc tgc 97
 Val Phe Ala Ser Phe Leu Cys Cys Ser Gly Leu Cys Val Phe Val Cys
 20 25 30

atc tagctgaact gccgtgatgt cttctcttcc cct 133
 Ile

<210> 255
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> *Conus radiatus*

<400> 255

Leu Asp Lys Lys Glu Cys Thr Thr Asn Gly Glu Phe Cys Gly Ile Ser
 1 5 10 15

Val Phe Ala Ser Phe Leu Cys Cys Ser Gly Leu Cys Val Phe Val Cys
 20 25 30

Ile .

<210> 256
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus radiatus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residues 1 and 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu.

<400> 256

Xaa Cys Thr Thr Asn Gly Xaa Phe Cys Gly Ile Ser Val Phe Ala Ser
 1 5 10 15

Phe Leu Cys Cys Ser Gly Leu Cys Val Phe Val Cys Ile
 20 25

<210> 257
 <211> 133
 <212> DNA
 <213> Conus radiatus

<220>
 <221> CDS
 <222> (2)..(100)

<400> 257

a ttg gac aag aga aaa tgc ttt ccc aaa aat cat ttt tgt ggc ttt gtg 49
 Leu Asp Lys Arg Lys Cys Phe Pro Lys Asn His Phe Cys Gly Phe Val
 1 5 10 15

gtg atg ctg aac tac cta tgc tgc agt ggc cgg tgt ata ttc gtc tgc 97
 Val Met Leu Asn Tyr Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Ile Phe Val Cys
 20 25 30

gtc tagttgaact gccgtgatgt cttctactcc cat 133
 Val

<210> 258
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> Conus radiatus

<400> 258

Leu Asp Lys Arg Lys Cys Phe Pro Lys Asn His Phe Cys Gly Phe Val
 1 5 10 15

Val Met Leu Asn Tyr Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Ile Phe Val Cys
 20 25 30

Val

<210> 259
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus radiatus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)

<223> Xaa at residue 4 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 17 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 259

Lys Cys Phe Xaa Lys Asn His Phe Cys Gly Phe Val Val Met Leu Asn
1 5 10 15

Xaa Leu Cys Cys Ser Gly Arg Cys Ile Phe Val Cys Val
20 25

<210> 260

<211> 130

<212> DNA

<213> Conus regius

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(99)

<400> 260

ttg aac aag aga agc tgc ctt cct cta gac tgg ttt tgt ggc ttc aat 48
Leu Asn Lys Arg Ser Cys Leu Pro Leu Asp Trp Phe Cys Gly Phe Asn
1 5 10 15

ata att gga gcg ttt ctg tgc tgt agt ggc tac tgc ctt gtc gtc tgc 96
Ile Ile Gly Ala Phe Leu Cys Cys Ser Gly Tyr Cys Leu Val Val Cys
20 25 30

atg taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct c 130
Met

<210> 261

<211> 33

<212> PRT

<213> Conus regius

<400> 261

Leu Asn Lys Arg Ser Cys Leu Pro Leu Asp Trp Phe Cys Gly Phe Asn
1 5 10 15

Ile Ile Gly Ala Phe Leu Cys Cys Ser Gly Tyr Cys Leu Val Val Cys
20 25 30

Met

<210> 262

<211> 29

<212> PRT

<213> Conus regius

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(29)

<223> Xaa at residue 4 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 7 may

be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 23 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 262

Ser Cys Leu Xaa Leu Asp Xaa Phe Cys Gly Phe Asn Ile Ile Gly Ala
 1 5 10 15
 Phe Leu Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Leu Val Val Cys Met
 20 25

<210> 263

<211> 319

<212> DNA

<213> *Conus delessertii*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(285)

<400> 263

atg aaa ctg acg tgt ctg ctg atc gtt gct gtg ctg gtc ttg gca gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Leu Ile Val Ala Val Leu Val Leu Ala Ala
 1 5 10 15

tgt cag ttc atc gta gct ggc gac tcg agt gat ggc cag gag aat cct 96
 Cys Gln Phe Ile Val Ala Gly Asp Ser Ser Asp Gly Gln Glu Asn Pro
 20 25 30

gct ctg agg tca cct agc gat tcc tct ggg aaa atg tca tca atg aag 144
 Ala Leu Arg Ser Pro Ser Asp Ser Ser Gly Lys Met Ser Ser Met Lys
 35 40 45

cgc ttc cag aca cgg ctg atg gtg ggg caa tct gca tcg aaa aga cca 192
 Arg Phe Gln Thr Arg Leu Met Val Gly Gln Ser Ala Ser Lys Arg Pro
 50 55 60

agc aag agg gac tgc atc ccc ggc ggc gaa aat tgt gat gta ttc cga 240
 Ser Lys Arg Asp Cys Ile Pro Gly Gly Glu Asn Cys Asp Val Phe Arg
 65 70 75 80

cca tac cgg tgc tgc agt gga tat tgc ata cta ctc ctt tgc gca 285
 Pro Tyr Arg Cys Cys Ser Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Leu Cys Ala
 85 90 95

tgataaagct gccttgatgt cttctcctcc cctc 319

<210> 264

<211> 95

<212> PRT

<213> *Conus delessertii*

<400> 264

Met Lys Leu Thr Cys Leu Leu Ile Val Ala Val Leu Val Leu Ala Ala
 1 5 10 15

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

Ala Leu Arg Ser Pro Ser Asp Ser Ser Gly Lys Met Ser Ser Met Lys
 35 40 45

Arg Phe Gln Thr Arg Leu Met Val Gly Gln Ser Ala Ser Lys Arg Pro
 50 55 60

Ser Lys Arg Asp Cys Ile Pro Gly Gly Glu Asn Cys Asp Val Phe Arg
 65 70 75 80

Pro Tyr Arg Cys Cys Ser Gly Tyr Cys Ile Leu Leu Leu Cys Ala
 85 90 95

<210> 265
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> Conus delessertii

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(28)
 <223> Xaa at residues 4 and 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 15 and 21 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 265

Asp Cys Ile Xaa Gly Gly Xaa Asn Cys Asp Val Phe Arg Xaa Xaa Arg
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Ile Leu Leu Leu Cys Ala
 20 25

<210> 266
 <211> 1009
 <212> DNA
 <213> Conus striatus

<220>
 <221> CDS
 <222> (147)..(233)

<220>
 <221> misc feature
 <222> (1)..(1009)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 266
 gctggttcgc ctgcaggtagc cgggtccggaa ttcccggggtc gacatcatca tcatcgatcc 60
 atctgtccat ccatctattc attcattcat tcgctgcca aactgtattaa atattcaagt 120
 ctctctttct gtttgtgtct aacaga ttg aga tgg tgc att cct agt ggt gaa 173
 Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Glu
 1 5
 ctt tgt ttc cgc tgc gat cac ata gga tgc tgc agt ggc aag tgc gca 221
 Leu Cys Phe Arg Ser Asp His Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala

10	15	20	25	
ttc gtc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtott ctcccccatt ctagtagtag				273
Phe Val Cys Leu				
taggcggccg ctctagagga tccaagctta cgtacgcgtg catgcgacgt catagctott				333
ctatagtgtc acctaaattc aattcaactgg ccgtcgtttt acaacgctcgt gactgggaaa				393
accctggcgt tacccaactt aatgccttg cagcacatcc ccttttcgcc agctggcgta				453
atagcgaaga ggcccgcacc gatcgccott cccaacagtt tgcgcagcct gaatggcgaa				513
tgggacgcgc cctgtagcgg cgcattaac cgcggcgggt gtgggtgggt tacgcccacg				573
tgaccogeta cacttgccag cgcctancg ccccgctcct ttcgctttct ticccttct				633
ttctcgnac gtttcggccg nttttcccg tcaagctott aaatcggggg gcttcccttt				693
aagggttnc gaattantgc tttaccgna ccttgacc ccaaaaaaac ttggantaag				753
ggngatggn toncgtaant gggggccatc ncccctgaan agaacggttt ttonccctt				813
ttgacngttg gngttccnc ggtttttaa aangggacc tttntttcc aaaactggga				873
ananacotaa acctatttt tggggctatt tttttgantt tnaaanggga ttttgcccca				933
ttttngccc tnttgggta aaaaaagag cgggttttaa aaaaaatttt accccaatt				993
ttaacaaaaa tttttt				1009

<210> 267
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus striatus

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(1009)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 267

Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Glu Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15

Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 268
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus striatus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residue3 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 6 may be
 Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 9 may be Glu or gamma-carboxy
 -Glu

<400> 268

Leu Arg Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Xaa Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15

Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 269

<211> 90

<212> DNA

<213> *Conus striatus*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(87)

<400> 269

ttg aga tgg tgc att cct agt ggt gat ctt tgt ttc cgc tcg gat cac 48
 Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15

ata gga tgc tgc agt ggc aag tgc gca ttc gtc tgc ttg taa 90
 Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 270

<211> 29

<212> PRT

<213> *Conus striatus*

<400> 270

Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15

Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 271

<211> 27

<212> PRT

<213> *Conus striatus*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 4 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 271

Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His Ile Gly
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 272
 <211> 90
 <212> DNA
 <213> *Conus striatus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(87)

<400> 272
 ttg aga tgg tgc att cct agt ggt gat ctt tgt ttc cgc tcg gat cac 48
 Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15
 ata caa tgc tgc agt ggc aag tgc gca ttc gtc tgc ttg taa 90
 Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 273
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> *Conus striatus*

<400> 273

Leu Arg Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His
 1 5 10 15
 Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 274
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> *Conus striatus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residuel may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 4 may be
 Pro or hydroxy-Pro

<400> 274

Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Arg Ser Asp His Ile Gln
 1 5 10 15
 Cys Cys Ser Gly Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 275
 <211> 206
 <212> DNA
 <213> *Conus obscurus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (77)..(175)

<400> 275

cgatccatct gtccatccat ccattcagtc attogctgcc aaactgtaac aaatattcaa 60
 gtcttgcttt ctgttt gtg tct gac aga ttg aga tgg tgc gtt cct agc ggt 112
 Val Ser Asp Arg Leu Arg Trp Cys Val Pro Ser Gly
 1 5 10
 gaa gtt tgt cgc cgc tat gaa ttc gtg gga tgc tgc agt ggc aag tgc 160
 Glu Val Cys Arg Arg Tyr Glu Phe Val Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys
 15 20 25
 ttc ttc gtc tgc tgc taaaactggt gtgatgtctt ctctcccct c 206
 Phe Phe Val Cys Ser
 30

<210> 276
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> Conus obscurus

<400> 276

Val Ser Asp Arg Leu Arg Trp Cys Val Pro Ser Gly Glu Val Cys Arg
 1 5 10 15
 Arg Tyr Glu Phe Val Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Phe Phe Val Cys
 20 25 30

Ser

<210> 277
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus obscurus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residue 3 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 6 may be
 Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 9 and 15 may be Glu or gamma
 -carboxy-Glu; Xaa at residue 14 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-
 Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 277

Leu Arg Xaa Cys Val Xaa Ser Gly Xaa Val Cys Arg Arg Xaa Xaa Phe
 1 5 10 15
 Val Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Phe Phe Val Cys Ser
 20 25

<210> 278
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Conus radiatus

<220>
 <221> CDS
 <222> (22)..(117)

aacatcacca ag atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc 111
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe
 1 5 10

ttg acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gtg cct cac tcc agc gat gta 159
 Leu Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Val
 15 20 25

ttg gag aat ctt tat ctg aag gca ctt cac gaa acg gaa aac cac gaa 207
 Leu Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu
 30 35 40 45

gcc tct aaa ttg aac gtg aga gac gac gag tgc gaa cct cct gga gat 255
 Ala Ser Lys Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp
 50 55 60

ttt tgt ggc ttt ttt aaa att ggg cgg cct tgc tgc agt ggc tgg tgc 303
 Phe Cys Gly Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys
 65 70 75

ttc ctc tgg tgc gcc taaaactgcc gtgatgtctt ctattcccct ctgtgctacc 358
 Phe Leu Trp Cys Ala
 80

tggcttgatc tttgattggc gcgtgccctt cagtggttat gaaccccct gagccgactc 418

tctggggggc tcgggggttc aacatccaaa taaagcgaca acacaatcac aagtaaaaaa 478

<210> 282
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Conus geographus

<400> 282

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Pro His Ser Ser Asp Val Leu Glu Asn
 20 25 30

Leu Tyr Leu Lys Ala Leu His Glu Thr Glu Asn His Glu Ala Ser Lys
 35 40 45

Leu Asn Val Arg Asp Asp Glu Cys Glu Pro Pro Gly Asp Phe Cys Gly
 50 55 60

Phe Phe Lys Ile Gly Pro Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Leu Trp
 65 70 75 80

Cys Ala

<210> 283
 <211> 30
 <212> PRT

<213> Conus geographus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residues 3and 5 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 6, 7, 18 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 24 and 28 may be Trp or bromo-Trp

<400> 283

Asp Asp Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Gly Asp Phe Cys Gly Phe Phe Lys Ile
1 . 5 10 15

Gly Xaa Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Leu Xaa Cys Ala
20 25 30

<210> 284

<211> 318

<212> DNA

<213> Conus textile

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(164)

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(318)

<223> n may be any nucleotide

<400> 284

gc tgc agg tgc act cta gag gcg ttg gag aat ctt tat ctg aag gca 47
Cys Arg Ser Thr Leu Glu Ala Leu Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala
1 5 10 15

cat cat gaa atg aac aac ccc gaa gac tct gaa ttg aac aag agg tgc 95
His His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu Leu Asn Lys Arg Cys
20 25 30

tat gat agt ggg aca agt tgt aac act gga aac caa tgc tgc agt ggc 143
Tyr Asp Ser Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser Gly
35 40 45

tgg tgc att ttc gtc tgc ctc taaaactgcc gtgatgtctt ctactcccct 194
Trp Cys Ile Phe Val Cys Leu
50

ctgtgctacc tacctggctt gatctttgat tggcgcgtgc ccttoactgg ttatgaacct 254

ctctgatcog actctctggg ggcctcgggg atccaacatc aaaatanagc gacagcacia 314

tcac 318

<210> 285

<211> 54

<212> PRT

<213> Conus textile

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(318)

<223> n may be any nucleotide

<400> 285

Cys Arg Ser Thr Leu Glu Ala Leu Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala His
1 5 10 15

His Glu Met Asn Asn Pro Glu Asp Ser Glu Leu Asn Lys Arg Cys Tyr
20 25 30

Asp Ser Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser Gly Trp
35 40 45

Cys Ile Phe Val Cys Leu
50

<210> 286

<211> 24

<212> PRT

<213> Conus textile

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(24)

<223> Xaa at residue 2 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 18 may be Trp or bromo-Trp

<400> 286

Cys Xaa Asp Ser Gly Thr Ser Cys Asn Thr Gly Asn Gln Cys Cys Ser
1 5 10 15

Gly Xaa Cys Ile Phe Val Cys Leu
20

<210> 287

<211> 480

<212> DNA

<213> Conus quercinus

<220>

<221> CDS

<222> (52)..(333)

<400> 287

gcttcgtatt tctccgctgt cttccttggc atcaccctaaa acatcaccaa g atg aaa 57
Met Lys
1

ctg acg tgc atg atg atc gtt gct ctg ctg ttc ttg acc gcc tgg aca 105
Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Leu Leu Phe Leu Thr Ala Trp Thr
5 10 15

ttc gtc acg gct gtt gac tcc aaa aat gaa ctg gag aac aga gga gga 153
Phe Val Thr Ala Val Asp Ser Lys Asn Glu Leu Glu Asn Arg Gly Gly
20 25 30

tgg ggg cag gca gga gga tgg ggg aaa ctt ttt ccg atg gca cgc gac 201
 Trp Gly Gln Ala Gly Gly Trp Gly Lys Leu Phe Pro Met Ala Arg Asp
 35 40 45 50

gaa atg aaa aac agc gaa gtc tct aaa ttg gac aat aag aga aag tgc 249
 Glu Met Lys Asn Ser Glu Val Ser Lys Leu Asp Asn Lys Arg Lys Cys
 55 60 65

gct gca gcc ggt gaa gct tgc gta ata cct atc att gga aac gta ttt 297
 Ala Ala Ala Gly Glu Ala Cys Val Ile Pro Ile Ile Gly Asn Val Phe
 70 75 80

tgc tgc aaa ggc tac tgt ctt ttc gtc tgc att agt taaactgctg 343
 Cys Cys Lys Gly Tyr Cys Leu Phe Val Cys Ile Ser
 85 90

tgatgccttc tactcacctc tgtgctacct ggcttgatct ttgattggcg tgtgcccttc 403
 actggttatg agctcgtctg atcctactct ctggagacct ctgtggtcca acatccaaat 463
 aaagcggcat cccaatg 480

<210> 288
 <211> 94
 <212> PRT
 <213> Conus quercinus

<400> 288

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Val Asp Ser Lys Asn Glu Leu Glu Asn Arg
 20 25 30

Gly Gly Trp Gly Gln Ala Gly Gly Trp Gly Lys Leu Phe Pro Met Ala
 35 40 45

Arg Asp Glu Met Lys Asn Ser Glu Val Ser Lys Leu Asp Asn Lys Arg
 50 55 60

Lys Cys Ala Ala Ala Gly Glu Ala Cys Val Ile Pro Ile Ile Gly Asn
 65 70 75 80

Val Phe Cys Cys Lys Gly Tyr Cys Leu Phe Val Cys Ile Ser
 85 90

<210> 289
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus quercinus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(29)
 <223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue
 11 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 22 may be Tyr, 125-I

-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 289

Cys Ala Ala Ala Gly Xaa Ala Cys Val Ile Xaa Ile Ile Gly Asn Val
1 5 10 15

Phe Cys Cys Lys Gly Xaa Cys Leu Phe Val Cys Ile Ser
20 25

<210> 290

<211> 410

<212> DNA

<213> Conus leopardus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 290

atg aaa ctg acg tgc gtg gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg ata ttc atc acg gct gat gac tcc aca aat gga ctg gag aat cgt 96
Trp Ile Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Thr Asn Gly Leu Glu Asn Arg
20 25 30

ttt agg aag gca cgt gac aac atg aag aac gcc aaa gcc tct aca tta 144
Phe Arg Lys Ala Arg Asp Asn Met Lys Asn Ala Lys Ala Ser Thr Leu
35 40 45

gcc gag aag aaa gcg tgt gtt gaa ctt ggt gag att tgt gcc aca ggc 192
Ala Glu Lys Lys Ala Cys Val Glu Leu Gly Glu Ile Cys Ala Thr Gly
50 55 60

ttc ttc cta gac gag gaa tgc tgc act ggt tca tgc cat gtc ttc tgc 240
Phe Phe Leu Asp Glu Cys Cys Thr Gly Ser Cys His Val Phe Cys
65 70 75 80

gta cta tagttaaact getgtgatgt cttcttctct cctccgtgct acctggcttg 296
Val Leu

atctttgatt ggtgcctgtc cttcagtggt tgtgaaaccc tetgataccta ctctctggac 356

gcctctgaggy cccaacatcc aaataaagcg acatcctaata gccaaaaaaaa aaaa 410

<210> 291

<211> 82

<212> PRT

<213> Conus leopardus

<400> 291

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

Trp Ile Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Thr Asn Gly Leu Glu Asn Arg
20 25 30

Phe Arg Lys Ala Arg Asp Asn Met Lys Asn Ala Lys Ala Ser Thr Leu
35 40 45

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

Phe Phe Leu Asp Glu Glu Cys Cys Thr Gly Ser Cys His Val Phe Cys
65 70 75 80

Val Leu

<210> 292

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus leopardus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)

<223> Xaa at residues 4, 7, 17 and 18 may be Glu or gamma-carboxy-Glu.

<400> 292

Ala Cys Val Xaa Leu Gly Xaa Ile Cys Ala Thr Gly Phe Phe Leu Asp
1 5 10 15

Xaa Xaa Cys Cys Thr Gly Ser Cys His Val Phe Cys Val Leu
20 25 30

<210> 293

<211> 336

<212> DNA

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(231)

<400> 293

atg aaa ctg acg tgc gtg gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala

tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu

ttt tcg aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu

aac aag agg tgc cct aac act ggt gaa tta tgt gat gtg gtt gaa caa 192
Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val Glu Gln

aac tgc tgc tat acc tat tgc ttt att gta gtc tgc cta taaaactacc 241

Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
65 70 75

gtgatgtott ctactcccct ctgtgctgcc tggcttgatc tttgattggc gcgtgcctt 301

cactggttat gacccccctg atccgacctc tgggg 336

<210> 294

<211> 77

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<400> 294

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val Glu Gln
50 55 60

Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
65 70 75

<210> 295

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus marmoreus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residue 2 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 6 and 12 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 17 and 19 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 295

Cys Xaa Asn Thr Gly Xaa Leu Cys Asp Val Val Xaa Gln Asn Cys Cys
1 5 10 15

Xaa Thr Xaa Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
20 25

<210> 296

<211> 402

<212> DNA

<213> Conus quercinus

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(240)

<400> 296

ggatcc atg aaa ctg acg tgt atg gtg atc gtt gct gtg cta ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tcg gct gat gac tcc aga aat gga ttc gag aat cga aat gga 96
 Thr Ala Ser Ala Asp Ser Arg Asn Gly Phe Glu Asn Arg Asn Gly
 15 20 25 30

gaa cga aac gaa aac gaa atg aag aac ctc gaa gcc tct aaa ttg aac 144
 Glu Arg Asn Glu Asn Glu Met Lys Asn Leu Glu Ala Ser Lys Leu Asn
 35 40 45

agg aga gac ggc gat tgc gtt gat ggt ggt gaa ttt tgt ggc ttt ccg 192
 Arg Arg Asp Gly Asp Cys Val Asp Gly Gly Glu Phe Cys Gly Phe Pro
 50 55 60

aaa att gga ggg cca tgc tgt agt ggc tgg tgc ttt ttc gtc tgc tta 240
 Lys Ile Gly Gly Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Leu
 65 70 75

taaaactgcc atgatgtctt ctaccccccct ctgtgctacc tgacttgatc ttigattggc 300

gtgtgccctt cactggttat gaaccctct gatccgactc tctggaggcc tcgggggtcc 360

aacatccaaa taaagcgaca gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 402

<210> 297

<211> 78

<212> PRT

<213> Conus quercinus

<400> 297

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

Ser Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Phe Glu Asn Arg Asn Gly Glu Arg
 20 25 30

Asn Glu Asn Glu Met Lys Asn Leu Glu Ala Ser Lys Leu Asn Arg Arg
 35 40 45

Asp Gly Asp Cys Val Asp Gly Gly Glu Phe Cys Gly Phe Pro Lys Ile
 50 55 60

Gly Gly Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 298

<211> 30

<212> PRT

<213> Conus quercinus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(30)
 <223> Xaa at residue 9 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 14 and 19 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 24 may be Trp or bromo-Trp

<400> 298

Asp Gly Asp Cys Val Asp Gly Gly Xaa Phe Cys Gly Phe Xaa Lys Ile
 1 5 10 15

Gly Gly Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Val Cys Leu
 20 25 30

<210> 299
 <211> 274
 <212> DNA
 <213> Conus quercinus

<220>
 <221> CDS
 <222> (7)..(216)

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(274)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 299

ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg atc gtt gct gtg cta ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc ttg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat cga aat gaa 96
 Thr Ala Leu Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Arg Asn Glu
 15 20 25 30

caa gaa cga aac gaa aac gaa atg agg gac cgc cgg gac tgc caa gat 144
 Gln Glu Arg Asn Glu Asn Glu Met Arg Asp Arg Arg Asp Cys Gln Asp
 35 40 45

agt ggt gta gtt tgt ggc ttt ccg aaa cct gaa cca cac tgc tgc agt 192
 Ser Gly Val Val Cys Gly Phe Pro Lys Pro Glu Pro His Cys Cys Ser
 50 55 60

ggc tgg tgc ctt ttc gtc tgc gcc taaaactgcc gtgatgtcaa ataaagcgac 246
 Gly Trp Cys Leu Phe Val Cys Ala
 65 70

agacaatnaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 274

<210> 300
 <211> 70
 <212> PRT
 <213> Conus quercinus

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(274)
 <223> n may be any nucleotide

<400> 300

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

Leu Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Arg Asn Glu Gln Glu
20 25 30

Arg Asn Glu Asn Glu Met Arg Asp Arg Arg Asp Cys Gln Asp Ser Gly
35 40 45

Val Val Cys Gly Phe Pro Lys Pro Glu Pro His Cys Cys Ser Gly Trp
50 55 60

Cys Leu Phe Val Cys Ala
65 70

<210> 301

<211> 28

<212> PRT

<213> Conus quercinus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(28)

<223> Xaa at residues 12, 14 and 16 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 15 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 22 may be Trp or bromo-Trp

<400> 301

Asp Cys Gln Asp Ser Gly Val Val Cys Gly Phe Xaa Lys Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

His Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Leu Phe Val Cys Ala
20 25

<210> 302

<211> 340

<212> DNA

<213> Conus arenatus

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(246)

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(340)

<223> n may be any nucleotide

<400> 302

ggatcc atg aaa ctg acg tgt gtg gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gac tcc ata cgt gca ctg gag gat 96
Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Ser Ile Arg Ala Leu Glu Asp

```

15          20          25          30
ttt ttt gcg aag gca cgt gac gaa atg gaa aac agc gga gct tct cca      144
Phe Phe Ala Lys Ala Arg Asp Glu Met Glu Asn Ser Gly Ala Ser Pro
          35          40          45

ttg aac gag aga gac tgc cga cct gta ggt caa tat tgt ggc ata ccg      192
Leu Asn Glu Arg Asp Cys Arg Pro Val Gly Gln Tyr Cys Gly Ile Pro
          50          55          60

tat aag cac aac tgg cga tgc tgc agt cag ctt tgt gca att atc tgt      240
Tyr Lys His Asn Trp Arg Cys Cys Ser Gln Leu Cys Ala Ile Ile Cys
          65          70          75

gtt tcc taaccctct gatcctactc tctgaagacc tccgggattc aacatccaaa      296
Val Ser
      80

taaagcgaca tcccgatnaa aaaaaangaa aaaaaaaaaa aaaa      340

```

```

<210> 303
<211> 80
<212> PRT
<213> Conus arenatus

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(340)
<223> n may be any nucleotide

```

```

<400> 303

```

```

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Ser Ile Arg Ala Leu Glu Asp Phe Phe
          20          25          30

Ala Lys Ala Arg Asp Glu Met Glu Asn Ser Gly Ala Ser Pro Leu Asn
          35          40          45

Glu Arg Asp Cys Arg Pro Val Gly Gln Tyr Cys Gly Ile Pro Tyr Lys
          50          55          60

His Asn Trp Arg Cys Cys Ser Gln Leu Cys Ala Ile Ile Cys Val Ser
65          70          75          80

```

```

<210> 304
<211> 30
<212> PRT
<213> Conus arenatus

```

```

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(30)
<223> Xaa at residues 4 and 12 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residu
es 8 and 13 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-
sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 17 may be Trp or brom

```

o-Trp

<400> 304

Asp Cys Arg Xaa Val Gly Gln Xaa Cys Gly Ile Xaa Xaa Lys His Asn
 1 5 10 15

Xaa Arg Cys Cys Ser Gln Leu Cys Ala Ile Ile Cys Val Ser
 20 25 30

<210> 305

<211> 281

<212> DNA

<213> *Conus arenatus*

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(234)

<400> 305

ggatcc atg aaa ctg acg tgt gtg gtg atc gtt gtt gtg ctg ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Val Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc aag gct gat gac tcc ata aat gga ttg gag 96
 Thr Ala Trp Thr Phe Val Lys Ala Asp Asp Ser Ile Asn Gly Leu Glu
 15 20 25 30

aat ctt ttt ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct 144
 Asn Leu Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
 35 40 45

aaa ttg aac gag agg tgc ctt gaa aag ggt gta ctt tgt gat ccg agt 192
 Lys Leu Asn Glu Arg Cys Leu Glu Lys Gly Val Leu Cys Asp Pro Ser
 50 55 60

gct gga aac tgc tgt agt ggc gaa tgc gtt tta gtc tgc ctc 234
 Ala Gly Asn Cys Cys Ser Gly Glu Cys Val Leu Val Cys Leu
 65 70 75

taaaactacc gtgatgtctt ctactcccat ctgtgctacc cctcgag 281

<210> 306

<211> 76

<212> PRT

<213> *Conus arenatus*

<400> 306

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

Trp Thr Phe Val Lys Ala Asp Asp Ser Ile Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Glu Arg Cys Leu Glu Lys Gly Val Leu Cys Asp Pro Ser Ala Gly

<400> 309

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Glu Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Leu Lys Ala Tyr His Glu Met Asn Ser Glu Ala Ser Lys Leu Asp
 35 40 45

Lys Lys Glu Cys Val Ala Gly Ser His Phe Cys Gly Phe Pro Lys Ile
 50 55 60

Gly Gly Pro Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 310

<211> 28

<212> PRT

<213> Conus arenatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(28)

<223> Xaa at residue 1 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
 12 and 17 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 22 may be Trp
 or bromo-Trp

<400> 310

Xaa Cys Val Ala Gly Ser His Phe Cys Gly Phe Xaa Lys Ile Gly Gly
 1 5 10 15

Xaa Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 311

<211> 400

<212> DNA

<213> Conus tessulatus

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(243)

<400> 311

ggatcc atg aaa ctg acg tgt gtg gtg atc gtt gct gtg atg ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Met Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tgg aca ttc atc acg gct gat gac tcc ata aat gga ctg gag 96
 Thr Ala Trp Thr Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Ile Asn Gly Leu Glu
 15 20 25 30

gat aga ggc ata tgg ggg gaa cct ttg tcg aag gca cgt gac gaa atg 144
 Asp Arg Gly Ile Trp Gly Glu Pro Leu Ser Lys Ala Arg Asp Glu Met

```

          35              40              45
aac ccc gaa gtc tct aaa cgg gat tgc tgg cct caa tat tgg ttt tgt      192
Asn Pro Glu Val Ser Lys Arg Asp Cys Trp Pro Gln Tyr Trp Phe Cys
          50              55              60

ggc cta cag agg gga tgc tgc cca ggg act act tgc ttc ttc ctt tgc      240
Gly Leu Gln Arg Gly Cys Cys Pro Gly Thr Thr Cys Phe Phe Leu Cys
          65              70              75

ttt tagtgatctc ttcgactccc ttctgtgcta cctgggttga cctttgattg      293
Phe

gcgcgtgccc ttoactgggt ataaaccct ctgttcctcc tctctggacg cttcggggtg      353

tccagcatcc aaataaagcg acgtcccca aaaaaaaaa aaaaaaa      400

```

<210> 312
 <211> 79
 <212> PRT
 <213> *Conus tessulatus*

<400> 312

```

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

Trp Thr Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Ile Asn Gly Leu Glu Asp Arg
          20              25              30

Gly Ile Trp Gly Glu Pro Leu Ser Lys Ala Arg Asp Glu Met Asn Pro
          35              40              45

Glu Val Ser Lys Arg Asp Cys Trp Pro Gln Tyr Trp Phe Cys Gly Leu
          50              55              60

Gln Arg Gly Cys Cys Pro Gly Thr Thr Cys Phe Phe Leu Cys Phe
65              70              75

```

<210> 313
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> *Conus tessulatus*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residues 3 and 7 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 17 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 6 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 313

```

Asp Cys Xaa Xaa Gln Xaa Xaa Phe Cys Gly Leu Gln Arg Gly Cys Cys
1              5              10              15

```

Xaa Gly Thr Thr Cys Phe Phe Leu Cys Phe
20 25

<210> 314
<211> 419
<212> DNA
<213> *Conus tessulatus*

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(249)

<400> 314
ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg gtg gtc gtt gct gtg ctg ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

aac gcc tgg aca ttc gcc acg gct gtt gac tcc aaa cat gca ctg gcg 96
Asn Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Val Asp Ser Lys His Ala Leu Ala
15 20 25 30

aaa ctt ttt atg aag gca cgt gac gaa atg tat aac ccc gat gcc act 144
Lys Leu Phe Met Lys Ala Arg Asp Glu Met Tyr Asn Pro Asp Ala Thr
35 40 45

aaa ttg gac gat aag aga tgg tgc gct tta gat ggt gaa ctt tgt atc 192
Lys Leu Asp Asp Lys Arg Trp Cys Ala Leu Asp Gly Glu Leu Cys Ile
50 55 60

ata ccg gtc att ggg tcc ata ttt tgc tgc cat ggc ata tgt atg atc 240
Ile Pro Val Ile Gly Ser Ile Phe Cys Cys His Gly Ile Cys Met Ile
65 70 75

tac tgc gtc tagttgaact gccgtgatgt cttctactcc cctctgtgct 289
Tyr Cys Val
80

acccttggtt tgatctttga ttgccctgtg cccttcaactg attatgaatc cctctgatcc 349

tactctctga agacctcttg gggtcaca tccaaataaa gcgacatccc aaaaaaaaaa 409

aaaaaaaaaa 419

<210> 315
<211> 81
<212> PRT
<213> *Conus tessulatus*

<400> 315

Met Lys Leu Thr Cys Val Val Val Val Ala Val Leu Phe Leu Asn Ala
1 5 10 15

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Val Asp Ser Lys His Ala Leu Ala Lys Leu
20 25 30

Phe Met Lys Ala Arg Asp Glu Met Tyr Asn Pro Asp Ala Thr Lys Leu
35 40 45

Asp Asp Lys Arg Trp Cys Ala Leu Asp Gly Glu Leu Cys Ile Ile Pro
50 55 60

Val Ile Gly Ser Ile Phe Cys Cys His Gly Ile Cys Met Ile Tyr Cys
65 70 75 80

Val

<210> 316
<211> 29
<212> PRT
<213> Conus tessulatus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(29)
<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 7 may be
e Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 12 may be Pro or hydro
xy-Pro; Xaa at residue 27 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, d
i-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 316

Xaa Cys Ala Leu Asp Gly Xaa Leu Cys Ile Ile Xaa Val Ile Gly Ser
1 5 10 15

Ile Phe Cys Cys His Gly Ile Cys Met Ile Xaa Cys Val
20 25

<210> 317
<211> 408
<212> DNA
<213> Conus imperialis

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(240)

<400> 317
ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg gtg ttc gtt gct gtg ccg ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Phe Val Ala Val Pro Phe Leu
1 5 10
acc gcc tcg gta ttc atc acg gct gat gac tcc aga aat gga atc gag 96
Thr Ala Ser Val Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Ile Glu
15 20 25 30
aat ctt oct cgg atg aga cgt cac gaa atg aag aac ccc aaa gcc tct 144
Asn Leu Pro Arg Met Arg Arg His Glu Met Lys Asn Pro Lys Ala Ser
35 40 45
aag ttg aac aag aga cag tgc cgt gta gaa ggt gaa att tgt ggc atg 192
Lys Leu Asn Lys Arg Gln Cys Arg Val Glu Gly Glu Ile Cys Gly Met
50 55 60
ctg ttt gaa gca caa tgc tgc gat ggc tgg tgc ttt ttc gtc tgc atg 240
Leu Phe Glu Ala Gln Cys Cys Asp Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Met
65 70 75

taaaactgcc gtgatgtctt ctactctcct ctgtgctacc tgcctgac tttgattggc 300
 tcgcgccctt cattggttat gaaccctct gatcctactc tctggaggcc tcaggygtcc 360
 agcatctaaa taaagcgaca tcacaatcaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 408

<210> 318
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Conus imperialis
 <400> 318

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

Ser Val Phe Ile Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Ile Glu Asn Leu
 20 25 30

Pro Arg Met Arg Arg His Glu Met Lys Asn Pro Lys Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Gln Cys Arg Val Glu Gly Glu Ile Cys Gly Met Leu Phe
 50 55 60

Glu Ala Gln Cys Cys Asp Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Met
 65 70 75

<210> 319
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus imperialis

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 1 may be Gln or pyro-Glu; Xaa at residues 5, 7 and
 14 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 21 may be Trp
 or bromo-Trp

<400> 319

Xaa Cys Arg Val Xaa Gly Xaa Ile Cys Gly Met Leu Phe Xaa Ala Gln
 1 5 10 15

Cys Cys Asp Gly Xaa Cys Phe Phe Val Cys Met
 20 25

<210> 320
 <211> 281
 <212> DNA
 <213> Conus characteristicus

<220>
 <221> CDS
 <222> (7)..(234)

<400> 320
 ggatcc atg aaa ctg acg tgt gtg gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag 96
 Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu
 15 20 25 30

aat ctt ttt ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct 144
 Asn Leu Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
 35 40 45

aaa ttg aac aag agg tgc gtt gac cot ggt gaa ttt tgt ggt ccg gga 192
 Lys Leu Asn Lys Arg Cys Val Asp Pro Gly Glu Phe Cys Gly Pro Gly
 50 55 60

ttt gga gat tgc tgc act ggc ttc tgc ctt tta gtc tgc atc 234
 Phe Gly Asp Cys Cys Thr Gly Phe Cys Leu Leu Val Cys Ile
 65 70 75

taaaactgcc gtgatgtctt ctactcccat ctgtgctacc cctogag 281

<210> 321
 <211> 76
 <212> PRT
 <213> Conus characteristicus

<400> 321

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Val Asp Pro Gly Glu Phe Cys Gly Pro Gly Phe Gly
 50 55 60

Asp Cys Cys Thr Gly Phe Cys Leu Leu Val Cys Ile
 65 70 75

<210> 322
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Conus characteristicus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(25)
 <223> Xaa at residues 4 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residu
 e 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 322

Cys Val Asp Xaa Gly Xaa Phe Cys Gly Xaa Gly Phe Gly Asp Cys Cys
1 5 10 15

Thr Gly Phe Cys Leu Leu Val Cys Ile
20 25

<210> 323

<211> 287

<212> DNA

<213> *Conus miliaris*

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(240)

<400> 323

ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg gtg atc gtt gct gtg ttg ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc atg gct gat gac tcc aga aat gat ttg gag 96
Thr Ala Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Arg Asn Asp Leu Glu
15 20 25 30

aat ctt ttt ctg aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gct tct 144
Asn Leu Phe Leu Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
35 40 45

aaa ttg aac aag aga tgc ctt cca aat ggt gta ctt tgt gat ctg gga 192
Lys Leu Asn Lys Arg Cys Leu Pro Asn Gly Val Leu Cys Asp Leu Gly
50 55 60

tct cca cca tac tgc tgc agt ggc tgg tgc gcg atc gtc gtc tgc atc 240
Ser Pro Pro Tyr Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ala Ile Val Val Cys Ile
65 70 75

taaaactgtc gtcattgtctt ctactcccat ctgtgctaacc cctogag 287

<210> 324

<211> 78

<212> PRT

<213> *Conus miliaris*

<400> 324

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

Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Arg Asn Asp Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Leu Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
35 40 45

Asn Lys Arg Cys Leu Pro Asn Gly Val Leu Cys Asp Leu Gly Ser Pro
50 55 60

Pro Tyr Cys Cys Ser Gly Trp Cys Ala Ile Val Val Cys Ile

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Ile Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Arg Lys Pro Glu Ala Ser Arg Ser
35 40 45

Arg Gly Arg Cys Arg Pro Arg Gly Met Phe Cys Gly Phe Pro Lys Pro
50 55 60

Gly Pro Tyr Cys Cys Asn Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Ile
65 70 75

<210> 328
<211> 27
<212> PRT
<213> Conus atlanticus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(27)
<223> Xaa at residues 3, 11, 13 and 15 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 16 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 21 may be Trp or bromo-Trp

<400> 328

Cys Arg Xaa Arg Gly Met Phe Cys Gly Phe Xaa Lys Xaa Gly Xaa Xaa
1 5 10 15

Cys Cys Asn Gly Xaa Cys Phe Phe Val Cys Ile
20 25

<210> 329
<211> 284
<212> DNA
<213> Conus lividus

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(237)

<400> 329
ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg gtc atc gtt gct gtg ctg ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg gag 96
Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu
15 20 25 30

aat ctt ttt tgc aag gca cat cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct 144
Asn Leu Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser
35 40 45

aaa ttg aac aag agg tgc cct aac act ggt gaa tta tgt gat gtg gtt 192
 Lys Leu Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val
 50 55 60

gaa caa aac tgc tgc tat acc tat tgc ttt att gta gtc tgc cta 237
 Glu Gln Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
 65 70 75

taaaactacc gtgatgtcctt ctactcccat ctgtgctacc cctcgag 284

<210> 330
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Conus lividus

<400> 330

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Lys Ala His His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Cys Pro Asn Thr Gly Glu Leu Cys Asp Val Val Glu Gln
 50 55 60

Asn Cys Cys Tyr Thr Tyr Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 331
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus lividus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residue 2 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 6 and
 12 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 17 and 19 ma
 y be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or
 O-phospho-Tyr

<400> 331

Cys Xaa Asn Thr Gly Xaa Leu Cys Asp Val Val Xaa Gln Asn Cys Cys
 1 5 10 15

Xaa Thr Xaa Cys Phe Ile Val Val Cys Leu
 20 25

<210> 332
 <211> 281
 <212> DNA

<213> Conus pulicarius

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(234)

<400> 332

```

ggatcc atg aaa ctg acg tgc atg gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg      48
      Met Lys Leu Thr Cys Met Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
      1                    5                      10

acc gcc tgg aca ttc gtc aag gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag      96
Thr Ala Trp Thr Phe Val Lys Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu
15                    20                      25                      30

aat ctt ttt ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac tcc aaa gcc tct     144
Asn Leu Phe Pro Lys Lys Arg His Glu Met Lys Asn Ser Lys Ala Ser
      35                    40                      45

aaa tta aac aag agg tgc gtt gaa gat ggt gat ttt tgt ggt ccg gga     192
Lys Leu Asn Lys Arg Cys Val Glu Asp Gly Asp Phe Cys Gly Pro Gly
      50                    55                      60

tat gaa gag tgc tgc agt ggc ttc tgc ctt tac gtc tgc atc           234
Tyr Glu Glu Cys Cys Ser Gly Phe Cys Leu Tyr Val Cys Ile
      65                    70                      75

taaaactgcc gtgatgtctt ctactcccat ctgtgctacc cctogag             281

```

<210> 333

<211> 76

<212> PRT

<213> Conus pulicarius

<400> 333

```

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

Trp Thr Phe Val Lys Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
      20                    25                      30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Ser Lys Ala Ser Lys Leu
      35                    40                      45

Asn Lys Arg Cys Val Glu Asp Gly Asp Phe Cys Gly Pro Gly Tyr Glu
      50                    55                      60

Glu Cys Cys Ser Gly Phe Cys Leu Tyr Val Cys Ile
65                    70                      75

```

<210> 334

<211> 25

<212> PRT

<213> Conus pulicarius

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(25)

<223> Xaa at residues 3, 13 and 14 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 10 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 12 and 22 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 334

Cys Val Xaa Asp Gly Asp Phe Cys Gly Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Cys Cys
1 5 10 15

Ser Gly Phe Cys Leu Xaa Val Cys Ile
20 25

<210> 335

<211> 293

<212> DNA

<213> *Conus generalis*

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(249)

<400> 335

ggatcc atg aaa ctg acg tgt gtg gtg atc gtt gct gtg cta ttc ttg 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc acg gct gat gac acc aga tat aaa ctg gag 96
Thr Ala Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Thr Arg Tyr Lys Leu Glu
15 20 25 30

aat cct ttt ctg aag gca cgc aac gaa ctg cag aaa cac gaa gcc tct 144
Asn Pro Phe Leu Lys Ala Arg Asn Glu Leu Gln Lys His Glu Ala Ser
35 40 45

caa ctg aac gag aga ggc tgc ctt gac cca ggt tac ttc tgt ggg acg 192
Gln Leu Asn Glu Arg Gly Cys Leu Asp Pro Gly Tyr Phe Cys Gly Thr
50 55 60

ccg ttt ctt gga gca tac tgc tgc ggt ggc att tgc ctt att gtc tgc 240
Pro Phe Leu Gly Ala Tyr Cys Cys Gly Gly Ile Cys Leu Ile Val Cys
65 70 75

ata gaa acg taaaggettg atgtcttcta ctcccatctg tgctaccct cgag 293
Ile Glu Thr
80

<210> 336

<211> 81

<212> PRT

<213> *Conus generalis*

<400> 336

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Thr Arg Tyr Lys Leu Glu Asn Pro
20 25 30

Phe Leu Lys Ala Arg Asn Glu Leu Gln Lys His Glu Ala Ser Gln Leu
 35 40 45

Asn Glu Arg Gly Cys Leu Asp Pro Gly Tyr Phe Cys Gly Thr Pro Phe
 50 55 60

Leu Gly Ala Tyr Cys Cys Gly Gly Ile Cys Leu Ile Val Cys Ile Glu
 65 70 75 80

Thr

<210> 337
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> *Conus generalis*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(30)
 <223> Xaa at residues 5 and 12 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residues 7 and 17 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 337

Gly Cys Leu Asp Xaa Gly Xaa Phe Cys Gly Thr Xaa Phe Leu Gly Ala
 1 5 10 15

Xaa Cys Cys Gly Gly Ile Cys Leu Ile Val Cys Ile Xaa Thr
 20 25 30

<210> 338
 <211> 400
 <212> DNA
 <213> *Conus episcopatus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (7)..(234)

<400> 338

ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Val Ala Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tgg aca ttt gcc acg gct gat gac ccc aga aat gga ttg ggg 96
 Thr Ala Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly
 15 20 25 30

aat ctt ttt tcg aat gta cat cac gaa atg aag aac ctc gaa gac tct 144
 Asn Leu Phe Ser Asn Val His His Glu Met Lys Asn Leu Glu Asp Ser
 35 40 45

aaa ttg gac aag aag tgc ctt ggg ttt ggt gaa gct tgt ctt atg ctt 192
 Lys Leu Asp Lys Lys Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Met Leu
 50 55 60

tat tca gac tgc tgc agc tat tgc gtt gct ctt gtc tgc cta 234
 Tyr Ser Asp Cys Cys Ser Tyr Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
 65 70 75

taaaactacc gtgacgtctt ctactcccct ctgtgctacc tggcttgatc tttgattggc 294

gtgtgcgctt cactggttat gaaccctct gatcctactc tctgaagacc tctggggctc 354

aacatccaaa taaagcgaca tcacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 400

<210> 339

<211> 76

<212> PRT

<213> Conus episcopatus

<400> 339

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

Trp Thr Phe Ala Thr Ala Asp Asp Pro Arg Asn Gly Leu Gly Asn Leu
 20 25 30

Phe Ser Asn Val His His Glu Met Lys Asn Leu Glu Asp Ser Lys Leu
 35 40 45

Asp Lys Lys Cys Leu Gly Phe Gly Glu Ala Cys Leu Met Leu Tyr Ser
 50 55 60

Asp Cys Cys Ser Tyr Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
 65 70 75

<210> 340

<211> 25

<212> PRT

<213> Conus episcopatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(25)

<223> Xaa at residue 6 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues
 12 and 18 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 340

Cys Leu Gly Phe Gly Xaa Ala Cys Leu Met Leu Xaa Ser Asp Cys Cys
 1 5 10 15

Ser Xaa Cys Val Ala Leu Val Cys Leu
 20 25

<210> 341

<211> 404

<212> DNA

<213> Conus episcopatus

<220>
 <221> CDS
 <222> (7)..(240)

<400> 341
 ggatcc atg aaa ctg acg tgc gtg gtg atc att gct gtg ctg ttc ttg 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu
 1 5 10

acc gcc tgg aca ttc gtc atg gct gat gac ccc aga gat gaa ccg gag 96
 Thr Ala Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Pro Arg Asp Glu Pro Glu
 15 20 25 30

gca cgt gac gaa atg aac ccc gca gcc tct aaa ttg aac gag aga ggc 144
 Ala Arg Asp Glu Met Asn Pro Ala Ala Ser Lys Leu Asn Glu Arg Gly
 35 40 45

tgc ctt gca gtt gat tat ttt tgc gcc ata ccg ttt gtg agc aac ggg 192
 Cys Leu Ala Val Asp Tyr Phe Cys Gly Ile Pro Phe Val Ser Asn Gly
 50 55 60

cta tgc tgc agt ggc aat tgt gtt ttt gtc tgc aca ccc caa ggg aag 240
 Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Pro Gln Gly Lys
 65 70 75

taaaactgcc gtgaogtctt ctactccoct ctgtgctacc tggettgate tttgattggc 300
 gtgtgcactt cactgggttat gaaccctct gatcctactc tctgaagacc tctggggttcc 360
 aacatccaaa taaagcgaca tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 404

<210> 342
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> *Conus episcopatus*

<400> 342
 Met Lys Leu Thr Cys Val Val Ile Ile Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

Trp Thr Phe Val Met Ala Asp Asp Pro Arg Asp Glu Pro Glu Ala Arg
 20 25 30

Asp Glu Met Asn Pro Ala Ala Ser Lys Leu Asn Glu Arg Gly Cys Leu
 35 40 45

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

Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Pro Gln Gly Lys
 65 70 75

<210> 343
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> *Conus episcopatus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(31)
 <223> Xaa at residue 7 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residues 12 and 30 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 343

Gly Cys Leu Ala Val Asp Xaa Phe Cys Gly Ile Xaa Phe Val Ser Asn
 1 5 10 15

Gly Leu Cys Cys Ser Gly Asn Cys Val Phe Val Cys Thr Xaa Gln
 20 25 30

<210> 344
 <211> 202
 <212> DNA
 <213> Conus achatinus

<220>
 <221> CDS
 <222> (85)..(171)

<400> 344

cgatcctctg tctccatct attattattc gctgccaaac tgtgttaaat attcaagtct 60

ctctttctgt ttgtgtctaa cagg ttg aga tgg tgc att cct aga ggt gat 111
 Leu Arg Trp Cys Ile Pro Arg Gly Asp
 1 5

ctt tgt ttc ccc tcg gat cgc ata caa tgc tgc agt ggc aag tgc aca 159
 Leu Cys Phe Pro Ser Asp Arg Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr
 10 15 20 25

ttc gtc tgc atg taaaactgcc gtgatgtctt ctctccct c 202
 Phe Val Cys Met

<210> 345
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Conus achatinus

<400> 345

Leu Arg Trp Cys Ile Pro Arg Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp Arg
 1 5 10 15

Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
 20 25

<210> 346
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus achatinus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 11 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 346

Xaa Cys Ile Xaa Arg Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp Arg Ile Gln
1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
20 25

<210> 347

<211> 202

<212> DNA

<213> Conus achatinus

<220>

<221> CDS

<222> (85)..(171)

<400> 347

cgatcctctg tctcctcctc tcatcattc gctgccaac tgtattaaat attogaatct 60

ctctttctgt ttgtgtctga caga ttg aga ggg tgc gtt cct agt ggt gaa 111
Leu Arg Gly Cys Val Pro Ser Gly Glu
1 5

att tgt tac ttc atg gat cac ata gga tgc tgc agt ggc aag tgc aca 159
Ile Cys Tyr Phe Met Asp His Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr
10 15 20 25

ttc gtc tgc atg taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccat c 202
Phe Val Cys Met

<210> 348

<211> 29

<212> PRT

<213> Conus achatinus

<400> 348

Leu Arg Gly Cys Val Pro Ser Gly Glu Ile Cys Tyr Phe Met Asp His
1 5 10 15

Ile Gly Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
20 25

<210> 349

<211> 27

<212> PRT

<213> Conus achatinus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 4 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 7 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 10 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr

<400> 349

Gly Cys Val Xaa Ser Gly Xaa Ile Cys Xaa Phe Met Asp His Ile Gly
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
 20 25

<210> 350

<211> 264

<212> DNA

<213> *Conus bullatus*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(234)

<400> 350

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt act gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Thr Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aca tat gga ttg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Thr Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

ttg ccg aac gga cgt cat gaa atg atg aac ccc gaa gcc cct aaa ttg 144
 Leu Pro Asn Gly Arg His Glu Met Met Asn Pro Glu Ala Pro Lys Leu
 35 40 45

aac aag aaa gat gaa tgc tct gct cct ggt gca ttt tgt ctc atc agg 192
 Asn Lys Lys Asp Glu Cys Ser Ala Pro Gly Ala Phe Cys Leu Ile Arg
 50 55 60

cca gga ctc tgc tgc agc gag ttc tgc ttc ttt gcg tgt ttt 234
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Phe Ala Cys Phe
 65 70 75

tagtgacggg tgatgtcttc tactcccctc 264

<210> 351

<211> 78

<212> PRT

<213> *Conus bullatus*

<400> 351

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Thr Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

Leu Pro Asn Gly Arg His Glu Met Met Asn Pro Glu Ala Pro Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Lys Asp Glu Cys Ser Ala Pro Gly Ala Phe Cys Leu Ile Arg
 50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Phe Ala Cys Phe
65 70 75

<210> 352
<211> 27
<212> PRT
<213> Conus bullatus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(27)
<223> Xaa at residues 2 and 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residues 6 and 14 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 352

Asp Xaa Cys Ser Ala Xaa Gly Ala Phe Cys Leu Ile Arg Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Phe Phe Ala Cys Phe
20 25

<210> 353
<211> 276
<212> DNA
<213> Conus bullatus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(246)

<400> 353

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt act gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Thr Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga gac gct ccg gat agt gca 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asp Ala Pro Asp Ser Ala
20 25 30

gaa gga tgg gag aaa ctt ttc tgc gag gca cgt gac gaa atg aag aac 144
Glu Gly Trp Glu Lys Leu Phe Ser Glu Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn
35 40 45

cgc aaa gac ttt gaa ttg aga ggg tgc ctt cct agg tgg gaa ttt tgt 192
Arg Lys Asp Phe Glu Leu Arg Gly Cys Leu Pro Arg Trp Glu Phe Cys
50 55 60

ccc atc ttt aaa aaa aac gat tgc tgc agt ggc ata tgc ata agc atc 240
Pro Ile Phe Lys Lys Asn Asp Cys Cys Ser Gly Ile Cys Ile Ser Ile
65 70 75 80

tgc ttg taaaactcgg tgatgtcttc tcttcccatc 276
Cys Leu

<210> 354
<211> 82
<212> PRT
<213> Conus bullatus

<400> 354

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asp Ala Pro Asp Ser Ala
 20 25 30

Glu Gly Trp Glu Lys Leu Phe Ser Glu Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn
 35 40 45

Arg Lys Asp Phe Glu Leu Arg Gly Cys Leu Pro Arg Trp Glu Phe Cys
 50 55 60

Pro Ile Phe Lys Lys Asn Asp Cys Cys Ser Gly Ile Cys Ile Ser Ile
 65 70 75 80

Cys Leu

<210> 355

<211> 27

<212> PRT

<213> Conus bullatus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residues 4 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue
 e 6 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residue 7 may be Glu or gamma
 -carboxy-Glu

<400> 355

Gly Cys Leu Xaa Arg Xaa Xaa Phe Cys Xaa Ile Phe Lys Lys Asn Asp
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Ile Cys Ile Ser Ile Cys Leu
 20 25

<210> 356

<211> 268

<212> DNA

<213> Conus striolatus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(237)

<400> 356

atg aaa ctg acg tgc atg atg att gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg ata ttt gta atg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
 Trp Ile Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu

```

                20                25                30
cct cag act aca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg      144
Pro Gln Thr Thr Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
      35                40                45

aac cag aca gac tgc ctt gct aaa gac gct ttc tgt gcc tgg ccg ata      192
Asn Gln Thr Asp Cys Leu Ala Lys Asp Ala Phe Cys Ala Trp Pro Ile
      50                55                60

ctt gga cca ctg tgc tgc agt cgc ttg tgc tta tac gtc tgc atg          237
Leu Gly Pro Leu Cys Cys Ser Arg Leu Cys Leu Tyr Val Cys Met
      65                70                75

taaaactgcc gtgatgtctt ctactcccct c                                268

```

<210> 357
 <211> 79
 <212> PRT
 <213> *Conus striolatus*

<400> 357

```

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

Trp Ile Phe Val Met Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
      20                25                30

Pro Gln Thr Thr Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
      35                40                45

Asn Gln Thr Asp Cys Leu Ala Lys Asp Ala Phe Cys Ala Trp Pro Ile
      50                55                60

Leu Gly Pro Leu Cys Cys Ser Arg Leu Cys Leu Tyr Val Cys Met
      65                70                75

```

<210> 358
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Conus striolatus*

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(28)
 <223> Xaa at residue 11 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 12 and
 16 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 25 may be Tyr, 125-
 I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr.

<400> 358

```

Asp Cys Leu Ala Lys Asp Ala Phe Cys Ala Xaa Xaa Ile Leu Gly Xaa
1                5                10                15

Leu Cys Cys Ser Arg Leu Cys Leu Xaa Val Cys Met
      20                25

```

<210> 359
 <211> 266
 <212> DNA
 <213> Conus consors

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(246)

<400> 359
 atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30
 tct ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa tcg 144
 Ser Pro Lys Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
 35 40 45
 aac aag aga tat gag tgc tat tct act ggt aca ttt tgt ggc atc aac 192
 Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Phe Cys Gly Ile Asn
 50 55 60
 gga gga ctc tgc tgc agc aac ctt tgc tta ttt ttc gtg tgc tta aca 240
 Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
 65 70 75 80
 ttt tcg tgatgtcttc tcctccctc 266
 Phe Ser

<210> 360
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Conus consors

<400> 360

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

<210> 361
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus consors

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(31)
 <223> Xaa at residues 1 and 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 2 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 361

Xaa	Xaa	Cys	Xaa	Ser	Thr	Gly	Thr	Phe	Cys	Gly	Ile	Asn	Gly	Gly	Leu	
1				5					10					15		
Cys	Cys	Ser	Asn	Leu	Cys	Leu	Phe	Phe	Val	Cys	Leu	Thr	Phe	Ser		
			20					25						30		

<210> 362
 <211> 289
 <212> DNA
 <213> Conus consors

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(252)

<400> 362

atg	aaa	ctg	acg	tgc	ctg	atg	atc	gtt	gct	gtg	ctg	ttc	ttg	acc	acc	48
Met	Lys	Leu	Thr	Cys	Leu	Met	Ile	Val	Ala	Val	Leu	Phe	Leu	Thr	Thr	
1				5				10						15		
tgg	aca	ttc	gtc	acg	gct	gat	gac	tcc	aga	tat	gga	ttg	aag	aat	ctt	96
Trp	Thr	Phe	Val	Thr	Ala	Asp	Asp	Ser	Arg	Tyr	Gly	Leu	Lys	Asn	Leu	
			20					25						30		
ttt	cgg	aag	gca	cgt	cat	gaa	atg	aag	aac	cct	gaa	gcc	tct	aaa	ttg	144
Phe	Pro	Lys	Ala	Arg	His	Glu	Met	Lys	Asn	Pro	Glu	Ala	Ser	Lys	Leu	
			35				40						45			
aac	aag	aga	gat	ggg	tgc	tat	aat	gct	ggt	aca	ttt	tgt	ggc	atc	cgt	192
Asn	Lys	Arg	Asp	Gly	Cys	Tyr	Asn	Ala	Gly	Thr	Phe	Cys	Gly	Ile	Arg	
			50				55					60				
cca	gga	ctc	tgc	tgc	agc	gag	ttt	tgc	ttt	tta	tgg	tgc	ata	aca	ttt	240
Pro	Gly	Leu	Cys	Cys	Ser	Glu	Phe	Cys	Phe	Leu	Trp	Cys	Ile	Thr	Phe	
			65			70				75					80	
gtt	gat	tct	ggc	taacagtgtg	cgttggttga	tgtcttctac	tcccctc									289
Val	Asp	Ser	Gly													

<210> 363
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Conus consors

<400> 363

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Tyr Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30

Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

Asn Lys Arg Asp Gly Cys Tyr Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg
 50 55 60

Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80

Val Asp Ser Gly

<210> 364

<211> 32

<212> PRT

<213> Conus consors

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(32)

<223> Xaa at residue 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr,
 r, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 14 may be Pro or
 hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu;
 Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 364

Asp Gly Cys Xaa Asn Ala Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg Xaa Gly Leu
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Phe Leu Xaa Cys Ile Thr Phe Val Asp Ser
 20 25 30

<210> 365

<211> 205

<212> DNA

<213> Conus circumcisis

<220>

<221> CDS

<222> (83)..(175)

<400> 365

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgtgcc aaactgtatt aaatattcaa 60

gtctctcttt ctgttttgtgt ct aac aga ttg agt agg tgc att cct agt ggt 112
 Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly
 1 5 10

Ala Phe Val Cys Leu
30

<210> 369
<211> 31
<212> PRT
<213> Conus circumcissus

<400> 369

Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
1 5 10 15

Asp His Ile Gln Cys Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
20 25 30

<210> 370
<211> 27
<212> PRT
<213> Conus circumcissus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(27)
<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 1
1 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 370

Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln
1 5 10 15

Cys Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
20 25

<210> 371
<211> 206
<212> DNA
<213> Conus circumcissus

<220>
<221> CDS
<222> (83)..(175)

<400> 371

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgcgtgc aaactgtatt aaatattcaa 60

gtctctcttt ctgtttgtgt ct aac aga ttg agt agg tgc att cct agt ggt 112
Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly
1 5 10

gat ctt tgt ttc ccc tcg gat cac ata caa tgc tgc agt gcc aag tgc 160
Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Gln Cys Cys Ser Ala Lys Cys
15 20 25

gca ttc gtc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtctt ctctccct c 206
Ala Phe Val Cys Leu
30

<210> 372
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus circumcicus

<400> 372

Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
 1 5 10 15

Asp His Ile Gln Cys Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25 30

<210> 373
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus circumcicus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residues 3 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 373

Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln Cys
 1 5 10 15

Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 374
 <211> 206
 <212> DNA
 <213> Conus circumcicus

<220>

<221> CDS

<222> (83)..(175)

<400> 374

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgtgcc aaactgtatt aaatattcaa 60

gtctctcttt ctgtttgtgt ct aac aga ttg agt agg tgc att oct agt ggt 112
 Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly
 1 5 10

gat ctt tgt ttc ccc tog gat cac ata caa tgc tgc aat gcc gag tgc 160
 Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Glu Cys
 15 20 25

gca ttc gtc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtctt ctctcccct c 206
 Ala Phe Val Cys Leu
 30

<210> 375
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus circumcicus

<400> 375

Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
 1 5 10 15

Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Glu Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25 30

<210> 376

<211> 26

<212> PRT

<213> Conus circumcissus

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(26)

<223> Xaa at residues 3 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 376

Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln Cys
 1 5 10 15

Cys Asn Ala Xaa Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 377

<211> 206

<212> DNA

<213> Conus circumcissus

<220>

<221> CDS

<222> (83)..(175)

<400> 377

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgotgtc aaactgtatt aaatattcaa 60

gtctctcttt ctgtttgtgt ct aac aga ttg agt tgg tgc att cct agt ggt 112
 Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Ser Gly
 1 5 10

gat ctt tgt ttc ccc tgg gat cac ata cga tgc tgc agt gcc aag tgc 160
 Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Arg Cys Cys Ser Ala Lys Cys
 15 20 25

gca ttc gtc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtott ctcttccat c 206
 Ala Phe Val Cys Leu
 30

<210> 378

<211> 31

<212> PRT

<213> Conus circumcissus

<400> 378

Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
 1 5 10 15

Asp His Ile Arg Cys Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25 30

<210> 379
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Conus circumcissus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(27)
 <223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 1
 1 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 379

Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Arg
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25

<210> 380
 <211> 206
 <212> DNA
 <213> Conus circumcissus

<220>
 <221> CDS
 <222> (83)..(175)

<400> 380

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgtgcc aaactgtatt aaatattcaa 60
 gtctctcttt ctgtttgtgt ct aac aga ttg agt agg tgc att cct agt ggt 112
 Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly
 1 5 10
 gat ctt tgt ttc ccc tgg gat cac ata caa tgc tgc aat gcc aag tgc 160
 Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Lys Cys
 15 20 25
 gca ttc gcc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtctt ctcttccct c 206
 Ala Phe Ala Cys Leu
 30

<210> 381
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus circumcissus

<400> 381

Asn Arg Leu Ser Arg Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
 1 5 10 15

Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Lys Cys Ala Phe Ala Cys Leu
 20 25 30

<210> 382
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Conus circumcissus

<220>
 <221> SITE
 <222> (1)..(26)
 <223> Xaa at residues 3 and 10 may be Pro or hydroxy-Pro.

<400> 382

Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln Cys
 1 5 10 15
 Cys Asn Ala Lys Cys Ala Phe Ala Cys Leu
 20 25

<210> 383
 <211> 206
 <212> DNA
 <213> Conus circumcissus

<220>
 <221> CDS
 <222> (83)..(175)

<400> 383

cgatccatct gtccatccat ctattcattc attcgctgcc aaactgtatt aaatattcaa 60
 gtctctcttt ctgtttgtgt ct aac aga ttg agt tgg tgc att cct agt ggt 112
 Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Ser Gly
 1 5 10
 gat ctt tgt ttc ccc tcg gat cac ata caa tgc tgc aat gcc aag tgc 160
 Asp Leu Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Lys Cys
 15 20 25
 gca ttc gtc tgc ttg taaaactgcc gtgatgtctt ctactcccct c 206
 Ala Phe Val Cys Leu
 30

<210> 384
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Conus circumcissus

<400> 384

Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Ser Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
 1 5 10 15
 Asp His Ile Gln Cys Cys Asn Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
 20 25 30

<210> 385
 <211> 27
 <212> PRT

<213> *Conus circumcissus*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue 1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 11 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 385

Xaa Cys Ile Xaa Ser Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln
1 5 10 15

Cys Cys Asn Ala Lys Cys Ala Phe Val Cys Leu
20 25

<210> 386

<211> 200

<212> DNA

<213> *Conus circumcissus*

<220>

<221> CDS

<222> (77)..(169)

<400> 386

cgatcctctg tcctcctcta ttattattcg ctgccaaactg tattaaatat tcaagtctct 60

ctttctgttt gtgtct aac aga ttg agt tgg tgc att cct act ggt gat ctt 112
Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Thr Gly Asp Leu
1 5 10

tgt ttc ccc tcg gat cac ata caa tgc tgc agt ggc aag tgc aca ttc 160
Cys Phe Pro Ser Asp His Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe
15 20 25

gtc tgc atg taaaactgoc gtgatgtctt ctctctccct c 200
Val Cys Met
30

<210> 387

<211> 31

<212> PRT

<213> *Conus circumcissus*

<400> 387

Asn Arg Leu Ser Trp Cys Ile Pro Thr Gly Asp Leu Cys Phe Pro Ser
1 5 10 15

Asp His Ile Gln Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
20 25 30

<210> 388

<211> 27

<212> PRT

<213> *Conus circumcissus*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residue1 may be Trp or bromo-Trp; Xaa at residues 4 and 11 may be Pro or hydroxy-Pro

<400> 388

Xaa Cys Ile Xaa Thr Gly Asp Leu Cys Phe Xaa Ser Asp His Ile Gln
1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Lys Cys Thr Phe Val Cys Met
20 25

<210> 389

<211> 266

<212> DNA

<213> Conus monachus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 389

atg aaa ctg acg tgc atg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
Met Lys Leu Thr Cys Met Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

tct ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa tcg 144
Ser Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
35 40 45

aac aag aga tat gag tgc tat tct act ggt aca ttt tgt ggc atc aac 192
Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Phe Cys Gly Ile Asn
50 55 60

gga gga ctc tgc tgc agc aac ctt tgc tta ttt ttc gtg tgc tta aca 240
Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
65 70 75 80

ttt tcg tgatgtcttc tctctccctc 266
Phe Ser

<210> 390

<211> 82

<212> PRT

<213> Conus monachus

<400> 390

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Ser Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(246)

<400> 395
 atg aaa ctg acg tgt gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg atc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Ile Ala
 1 5 10 15
 tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg aag aat ctt 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30
 ttt cag aag gca cgt cat gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 aac aag aga gat ggg tgc tct agt ggt ggt aca ttt tgt ggc atc cgt 192
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg
 50 55 60
 cca gga ctc tgc tgc agc gag ttt tgc ttt ctt tgg tgc ata aca ttt 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80
 att gat tgatgtcttc tattccctc 266
 Ile Asp

<210> 396
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Conus stercusmuscarum

<400> 396
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Ile Ala
 1 5 10 15
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Lys Asn Leu
 20 25 30
 Phe Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45
 Asn Lys Arg Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg
 50 55 60
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Phe Cys Phe Leu Trp Cys Ile Thr Phe
 65 70 75 80
 Ile Asp

<210> 397
 <211> 31
 <212> PRT

<213> *Conus stercusmuscarum*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(31)

<223> Xaa at residue 14 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 20 may be Glu or gamma-carboxy-Glu; Xaa at residue 25 may be Trp or bromo-Trp

<400> 397

Asp Gly Cys Ser Ser Gly Gly Thr Phe Cys Gly Ile Arg Xaa Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Xaa Phe Cys Phe Leu Xaa Cys Ile Thr Phe Ile Asp
20 25 30

<210> 398

<211> 265

<212> DNA

<213> *Conus striolatus*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(234)

<400> 398

atg aaa ctg acg tgc ata atg acc gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gct 48
Met Lys Leu Thr Cys Ile Met Thr Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

ctt ctg aag aca cgt cac gaa gtg gaa aac ccc aaa gcc tct agg tcg 144
Leu Leu Lys Thr Arg His Glu Val Glu Asn Pro Lys Ala Ser Arg Ser
35 40 45

ggc ggt agg tgc cgt cct ggt ggt acg gtt tgt ggc ttt ccg aaa cct 192
Gly Gly Arg Cys Arg Pro Gly Gly Thr Val Cys Gly Phe Pro Lys Pro
50 55 60

gga cca tac tgc tgc agt ggc tgg tgc ttt ttt gtc tgc gcc 234
Gly Pro Tyr Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Ala
65 70 75

taaacctgcc gtgatgtctt ctctcccatt c 265

<210> 399

<211> 78

<212> PRT

<213> *Conus striolatus*

<400> 399

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

Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
20 25 30

Leu Leu Lys Thr Arg His Glu Val Glu Asn Pro Lys Ala Ser Arg Ser
 35 40 45

Gly Gly Arg Cys Arg Pro Gly Gly Thr Val Cys Gly Phe Pro Lys Pro
 50 55 60

Gly Pro Tyr Cys Cys Ser Gly Trp Cys Phe Phe Val Cys Ala
 65 70 75

<210> 400

<211> 27

<212> PRT

<213> *Conus striolatus*

<220>

<221> SITE

<222> (1)..(27)

<223> Xaa at residues 3, 11, 13 and 15 may be Pro or hydroxy-Pro; Xaa at residue 16 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 21 may be Trp or bromo-Trp

<400> 400

Cys Arg Xaa Gly Gly Thr Val Cys Gly Phe Xaa Lys Xaa Gly Xaa Xaa
 1 5 10 15

Cys Cys Ser Gly Xaa Cys Phe Phe Val Cys Ala
 20 25

<210> 401

<211> 272

<212> DNA

<213> *Conus striolatus*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(243)

<400> 401

atg aaa ctg acg tgc gtg atg atc gtt gct gtg ctg ttc ttg act gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Val Met Ile Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

tgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aaa aat gga ctg gag aat cat 96
 Trp Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Lys Asn Gly Leu Glu Asn His
 20 25 30

ttt tgg aag gca cgt gac gaa atg aag aac cgc gaa gcc tct aaa ttg 144
 Phe Trp Lys Ala Arg Asp Glu Met Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Leu
 35 40 45

gac aaa aag gaa gcc tgc tat ccg cct ggt act ttt tgt ggc ata aag 192
 Asp Lys Lys Glu Ala Cys Tyr Pro Pro Gly Thr Phe Cys Gly Ile Lys
 50 55 60

ccc ggg cta tgc tgc agt gag ttg tgt tta ccg gcc gtc tgc gtc ggt 240
 Pro Gly Leu Cys Cys Ser Glu Leu Cys Leu Pro Ala Val Cys Val Gly

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(246)

 <400> 404
 atg aaa ctg acg tgt ctg atg gct gtt gct gtg ctg ttc ttg acc gcc 48
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ala Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

 cgg aca ttc gtc acg gct gat gac tcc aga aat gga ttg gag aat ctt 96
 Arg Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

 tct ccg aag gca cgt cac gaa atg aag aac ccc gaa gcc tct aaa tcg 144
 Ser Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
 35 40 45

 aac aag aga tat gag tgc tat tct act ggt aca ttt tgt ggc atc aac 192
 Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Phe Cys Gly Ile Asn
 50 55 60

 gga gga ctc tgc tgc agc aac ctt tgc tta ttt ttc gtg tgc tta aca 240
 Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
 65 70 75 80

 ttt tcg tgatgtcttc tatcccctc 265
 Phe Ser

<210> 405
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> *Conus striolatus*

<400> 405
 Met Lys Leu Thr Cys Leu Met Ala Val Ala Val Leu Phe Leu Thr Ala
 1 5 10 15

 Arg Thr Phe Val Thr Ala Asp Asp Ser Arg Asn Gly Leu Glu Asn Leu
 20 25 30

 Ser Pro Lys Ala Arg His Glu Met Lys Asn Pro Glu Ala Ser Lys Ser
 35 40 45

 Asn Lys Arg Tyr Glu Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Phe Cys Gly Ile Asn
 50 55 60

 Gly Gly Leu Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr
 65 70 75 80

 Phe Ser

<210> 406
 <211> 31

<212> PRT
<213> Conus striolatus

<220>
<221> SITE
<222> (1)..(31)
<223> Xaa at residues 1 and 4 may be Tyr, 125-I-Tyr, mono-iodo-Tyr, di-iodo-Tyr, O-sulpho-Tyr or O-phospho-Tyr; Xaa at residue 2 may be Glu or gamma-carboxy-Glu

<400> 406

Xaa Xaa Cys Xaa Ser Thr Gly Thr Phe Cys Gly Ile Asn Gly Gly Leu
1 5 10 15

Cys Cys Ser Asn Leu Cys Leu Phe Phe Val Cys Leu Thr Phe Ser
20 25 30

<210> 407
<211> 287
<212> DNA
<213> Conus striolatus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(231)

<400> 407

atg aaa ctg acg tgt atg gtg atc gtc gcc gtg ctg ctc ctg acg acc 48
Met Lys Leu Thr Cys Met Val Ile Val Ala Val Leu Leu Leu Thr Thr
1 5 10 15

tgt cat ctc atc aca gct gat gac tcc aga ggt acg cag aag cat cgt 96
Cys His Leu Ile Thr Ala Asp Asp Ser Arg Gly Thr Gln Lys His Arg
20 25 30

tcc ctg agg tcg act acc aaa gtc tcc aag tcg act agc tgc atg aaa 144
Ser Leu Arg Ser Thr Thr Lys Val Ser Lys Ser Thr Ser Cys Met Lys
35 40 45

gcc ggg tct tat tgc gtc gct act acg aga atc tgc tgc ggt tat tgc 192
Ala Gly Ser Tyr Cys Val Ala Thr Thr Arg Ile Cys Cys Gly Tyr Cys
50 55 60

gct tat ttc ggc aaa ata tgt att ggc tat ccc aaa aac tgatcctccc 241
Ala Tyr Phe Gly Lys Ile Cys Ile Gly Tyr Pro Lys Asn
65 70 75

cctactgtgc tctatccttt tctgctgat gctttctcct cccctc 287

<210> 408
<211> 77
<212> PRT
<213> Conus striolatus

<400> 408

Met Lys Leu Thr Cys Met Val Ile Val Ala Val Leu Leu Leu Thr Thr
1 5 10 15

Cys His Leu Ile Thr Ala Asp Asp Ser Arg Gly Thr Gln Lys His Arg

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テ-マ-コ-ト' (参考)
A 6 1 P	11/06	A 6 1 P	25/06
	25/00		25/08
	25/06		25/14
	25/08		25/20
	25/14		25/28
	25/20		25/36
	25/28		29/00
	25/36		35/00
	29/00		37/06
	35/00		39/00
	37/06		43/00
	39/00		1 1 1
	43/00	1 1 1	
C 0 7 K	14/435	C 0 7 K	14/435
G 0 1 N	33/15	G 0 1 N	33/15
	33/50		33/50
	33/53		33/53
			33/566
	33/566		33/566
		C 1 2 N	15/00
		A 6 1 K	37/02
			Z
			Z
			D
			M
			Z N A A

(31)優先権主張番号 6 0 / 2 1 9 , 4 4 0

(32)優先日 平成12年7月20日(2000 . 7 . 20)

(33)優先権主張国 米国 (U S)

(31)優先権主張番号 6 0 / 2 4 3 , 4 1 2

(32)優先日 平成12年10月27日(2000 . 10 . 27)

(33)優先権主張国 米国 (U S)

(81)指定国 E P (A T , B E , C H , C Y ,
 D E , D K , E S , F I , F R , G B , G R , I E , I
 T , L U , M C , N L , P T , S E , T R) , O A (B F
 , B J , C F , C G , C I , C M , G A , G N , G W ,
 M L , M R , N E , S N , T D , T G) , A P (G H , G
 M , K E , L S , M W , M Z , S D , S L , S Z , T Z
 , U G , Z W) , E A (A M , A Z , B Y , K G , K Z ,
 M D , R U , T J , T M) , A E , A G , A L , A M ,
 A T , A U , A Z , B A , B B , B G , B R , B Y , B
 Z , C A , C H , C N , C R , C U , C Z , D E , D K
 , D M , D Z , E E , E S , F I , G B , G D , G E ,
 G H , G M , H R , H U , I D , I L , I N , I S , J
 P , K E , K G , K P , K R , K Z , L C , L K , L R
 , L S , L T , L U , L V , M A , M D , M G , M K ,
 M N , M W , M X , M Z , N O , N Z , P L , P T , R
 O , R U , S D , S E , S G , S I , S K , S L , T J
 , T M , T R , T T , T Z , U A , U G , U Z , V N ,
 Y U , Z A , Z W

- (72)発明者 バルドメロ・エム・オリベラ
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、ブライアン・アベニュー1370
番
- (72)発明者 ジー・エドワード・カーティア
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、アパートメント・ナンバー・
ビー-216、イースト・ストリンガム・ア
ベニュー2629番
- (72)発明者 マレン・ワトキンズ
アメリカ合衆国84105ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、イースト・ガーフィールド・
アベニュー845番
- (72)発明者 デイビッド・アール・ヒルヤード
アメリカ合衆国84124ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、ジュノー・サークル3685番
- (72)発明者 ジェイ・マイケル・マッキントッシュ
アメリカ合衆国84108ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、サウス・2000・イースト1151
番
- (72)発明者 リチャード・ティ・レイヤー
アメリカ合衆国84093ユタ州サンディ、サ
ンバースト・コート9024番
- (72)発明者 ロバート・エム・ジョーンズ
アメリカ合衆国84101ユタ州ソルト・レイ
ク・シティ、ウエスト・ブロードウェイ・
ナンバー2103・サウス44番

F ターム(参考) 2G045 AA40 BA11 BB50 DA12 DA13
DA14 DA36 FB02
4B024 AA01 BA38 CA04
4C084 AA02 AA07 BA01 BA19 BA20
BA21 BA22 BA23 CA47 DA35
NA14 ZA02 ZA08 ZA15 ZA22
ZA36 ZA39 ZA40 ZB08 ZB11
ZB26 ZC35 ZC39
4H045 AA10 AA30 BA17 BA18 BA19
BA32 BA50 BA71 BA72 CA50
DA83 EA20 EA21 EA22 FA34
FA71

专利名称(译)	O-超家族・芋螺毒素肽		
公开(公告)号	JP2003533178A	公开(公告)日	2003-11-11
申请号	JP2001549679	申请日	2000-12-28
[标]申请(专利权)人(译)	犹他大学研究基金会 齿轮氩蟀公司		
申请(专利权)人(译)	犹他州研究基金会大学 Kogunetikkusu公司		
[标]发明人	バルドメロエムオリベラ ジーエドワードカーティア マレンワトキンズ デイビッドアールヒルヤード ジェイマイケルマッキントッシュ リチャードテイレイヤー ロバートエムジョーンズ		
发明人	バルドメロ・エム・オリベラ ジー・エドワード・カーティア マレン・ワトキンズ デイビッド・アール・ヒルヤード ジェイ・マイケル・マッキントッシュ リチャード・テイ・レイヤー ロバート・エム・ジョーンズ		
IPC分类号	G01N33/50 A61K38/00 A61P3/10 A61P9/00 A61P9/06 A61P11/06 A61P25/00 A61P25/06 A61P25/08 A61P25/14 A61P25/20 A61P25/28 A61P25/36 A61P29/00 A61P35/00 A61P37/06 A61P39/00 A61P43 /00 C07K14/435 C12N15/09 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/566		
CPC分类号	A61K38/00 A61P3/10 A61P9/00 A61P9/06 A61P11/06 A61P25/00 A61P25/06 A61P25/08 A61P25/14 A61P25/20 A61P25/28 A61P25/36 A61P29/00 A61P35/00 A61P37/06 A61P39/00 A61P43/00 C07K14 /43504		
FI分类号	A61P3/10 A61P9/00 A61P9/06 A61P11/06 A61P25/00 A61P25/06 A61P25/08 A61P25/14 A61P25/20 A61P25/28 A61P25/36 A61P29/00 A61P35/00 A61P37/06 A61P39/00 A61P43/00.111 C07K14/435 G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.D G01N33/53.M G01N33/566 C12N15/00.ZNA.A A61K37/02		
F-TERM分类号	2G045/AA40 2G045/BA11 2G045/BB50 2G045/DA12 2G045/DA13 2G045/DA14 2G045/DA36 2G045 /FB02 4B024/AA01 4B024/BA38 4B024/CA04 4C084/AA02 4C084/AA07 4C084/BA01 4C084/BA19 4C084/BA20 4C084/BA21 4C084/BA22 4C084/BA23 4C084/CA47 4C084/DA35 4C084/NA14 4C084 /ZA02 4C084/ZA08 4C084/ZA15 4C084/ZA22 4C084/ZA36 4C084/ZA39 4C084/ZA40 4C084/ZB08 4C084/ZB11 4C084/ZB26 4C084/ZC35 4C084/ZC39 4H045/AA10 4H045/AA30 4H045/BA17 4H045 /BA18 4H045/BA19 4H045/BA32 4H045/BA50 4H045/BA71 4H045/BA72 4H045/CA50 4H045/DA83 4H045/EA20 4H045/EA21 4H045/EA22 4H045/FA34 4H045/FA71		
优先权	60/173754 1999-12-30 US 60/214263 2000-06-26 US 60/219440 2000-07-20 US 60/243412 2000-10-27 US		
外部链接	Espacenet		
摘要(译)			

特别地，基于对淀粉样蛋白或其聚集体与钠通道之间相互作用的令人惊讶的观察，提供了测定疾病（例如阿尔茨海默氏病）的方法以及诊断和治疗方法。特别地，提供了鉴定调节该相互作用的化合物的方法，以及基于该相互作用的诊断和治疗方法。