8   Anhang

8.1   Anhang I: Bindungsmotive verschiedener HLA-Allele

HLA-A*01

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		T	D				L		Y
		S	E						
bevorzugte Aminosäuren		L	I/P	G/N/Y	G/V/I				

HLA-A*0201

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		L				V			V
		M							L
bevorzugte Aminosäuren					K	E		K	

HLA-A*03

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		L	F			I	I		K
		V	Y			M	L		Y
		M				F	M		F
						V	F		
						L			
bevorzugte Aminosäuren	I					I/P/V/K	T/S/T/K	Q	

HLA-A*1101

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		V	M				L		K
		I	L				I		R
		F	F				Y		
		Y	Y				V		
		I					F		
		A							
bevorzugte Aminosäuren	A	T	N/D/E/Q/K	P/G/D/E/M	P/I/F/V	I/V/M		Q/K/N/E	

HLA-A*24

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		Y			I	F		I	
					V			L	
								F	
bevorzugte Aminosäuren		F	N/E/L/M/P/G	D/P/E/K		Q	E/N	K	

HLA-A26

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		V			I				Y
		T			L				F
		I			V				
		L							
		F							
bevorzugte Aminosäuren	E/D			F/I	P/E		K/M		

HLA-B*07

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		P	R						L
									F
bevorzugte Aminosäuren					D/G	D/P	F/T	L	

HLA-B*35

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		P							Y
									F
									M
									L
									I
bevorzugte Aminosäuren	M/V/Y/R/D	A/L/F/V/M/E/T/Y/N	I/D/E/G/P	K/I/V/T/E	D/Q/K/V/L	I/N/E/Q/T/G/L/M	V/Q/V/T/M/K	E	

HLA-B*08

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker			K		K				L
				R					
bevorzugte Aminosäuren	G/L/I		R/Q/D/H/L/S/T/R/G/K	E		N/Q/H/I/L/Y/V/E/M/S/T/F	E/H/M/N/D/Q/S/T/Y	E/Q/H/S/L/D/V/T	F/M

Anhang I fortgesetzt

HLA-Cw*0301

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker			V	P		F			L
			I			Y			F
			Y						M
			L						I
			M						
bevorzugte Aminosäuren	H	E	E	N	M	Q	T		
					S				
					M				
	R	N	R		K				
					S				
					M				

HLA-Cw*0401

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		Y				V			L
		P				I			F
		F					L		M
bevorzugte Aminosäuren			D	D	A		A	K	
			H	E	H		S		
			P	M			H		
					T				
					R				

HLA-Cw*0702

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		Y				V	V		Y
		P				Y	I		F
						I	L		L
						L	M		
						F			
						M			
bevorzugte Aminosäuren	R	P	D	T	A	Y	E		
	D	G	E		R	M	A		
	A	V				N	F		
	Q					R	D		
	P					V	K		
	S					F			
	G					E			

HLA-B*4001 (B60)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anker und Hilfsanker		E					I		L
							V		
bevorzugte Aminosäuren	A	P	L	K	L	K			
	V	K	I	N	Y	R			
	I	D	V	P	M	Q			
	L	G	D	V					
	M	N	T	I					
	F	Q	N	D					
	S	T	P	R					
	D		G	Q					
	N		K						
			Q						

8.2   Anhang II: Nach Vorhersage mit SVM und PSSM ausgewählte Peptide

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	APC	490	NDHYSITLR	neg	A1	APC	1510	SLDEPFIQK	PSSM
neg	APC	1065	QRQSRNQST	neg	A1	APC	1558	DSEKDLLDD	PSSM
neg	APC	1087	LKFQPHFGQ	neg	A1	APC	1777	KPIPQNTEY	PSSM
neg	APC	1221	PSSNAKRQN	neg	A1	APC	1989	ETEPPDSQG	PSSM
neg	APC	1224	NAKRQNQLH	neg	A1	APC	1999	PSKPQASGY	PSSM
neg	APC	1226	KRQNQLHPS	neg	A1	APC	2033	DSEDDLLQE	PSSM
neg	APC	1229	NQLHPSSAQ	neg	A1	APC	2129	SSDSDSILS	PSSM
neg	APC	1233	PSSAQSRSG	neg	A1	APC	2182	ESESKGIKG	PSSM
neg	APC	1236	AQSRSGQPQ	neg	A1	APC	2358	SSGSGKMSY	PSSM
neg	APC	1237	QSRSGQPQK	neg	A1	APC	2431	RSERPVLVR	PSSM
neg	APC	1243	PQKAATCKV	neg	A1	APC	2509	PNLSPTIEY	PSSM
neg	APC	1244	QKAATCKVS	neg	A2	APC	67	DLLERLKEL	PSSM
neg	APC	201	EEQLGTCQD	neg	A2	APC	164	NLTKRIDSL	PSSM
neg	APC	202	EQLGTCQDM	neg	A2	APC	543	VIASVLRNL	PSSM
neg	APC	207	CQDMEKRAQ	neg	A2	APC	821	VLSPYLNTT	PSSM
neg	APC	983	IESYSEDDE	neg	A2	APC	1616	KLLPSQNRL	PSSM
neg	APC	1363	KSGAQTPKS	neg	A2	APC	2103	AIQEGANSI	PSSM
neg	APC	1366	AQTPKSPPE	neg	A24	APC	157	WYYAQLQNL	PSSM
neg	APC	1367	QTPKSPPEH	neg	A24	APC	621	TYRSQTNTL	PSSM
neg	APC	1370	KSPPEHYVQ	neg	A24	APC	1261	TYCVEDTPI	PSSM
neg	APC	1934	PQSSKDIPD	neg	A3	APC	303	RLTSHLGTK	PSSM
neg	APC	1935	QSSKDIPDR	neg	A3	APC	562	TLREVGSVK	PSSM
neg	APC	519	LCSMKGCMR	neg	A3	APC	1788	RVRKNADSK	PSSM
neg	APC	520	CSMKGCMRA	neg	A3	APC	2415	ELSRMSSTK	PSSM
neg	APC	524	GCMRALVAQ	neg	B7	APC	744	SPGSSLPSL	PSSM
neg	APC	531	AQLKSESED	neg	B7	APC	823	SPYLNTTVL	PSSM
neg	APC	887	IAKVMEEVS	neg	B7	APC	1329	HPRTKSSRL	PSSM
neg	APC	892	EEVSAIHTS	neg	B7	APC	1423	LPDSPGQTM	PSSM
neg	APC	1880	ELRKAKENK	neg	B7	APC	1593	KPAQTASKL	PSSM
neg	APC	1881	LRKAKENKE	neg	B7	APC	1771	KPTSPVKPI	PSSM
neg	APC	1882	RKAKENKES	neg	B7	APC	2064	SPRNMGGIL	PSSM
neg	APC	1883	KAKENKESE	neg	B7	APC	2485	SPSLPDMSL	PSSM
neg	APC	1890	SEAKVTSHT	neg	B7	APC	2730	APDQKGTEI	PSSM
neg	APC	1891	EAKVTSHTE	neg	A1	APC	174	LTENFSLQT	S+P
A1	APC	150	KEEKEKDWY	PSSM	A1	APC	1081	STDDKHLKF	S+P
A1	APC	183	DMTRRQLEY	PSSM	A1	APC	1135	YEDDKPTNY	S+P
A1	APC	534	KSESEDLQQ	PSSM	A1	APC	1634	PGDDMPRVY	S+P
A1	APC	614	AFLVGTLTY	PSSM	A1	APC	2637	GAESKTLIY	S+P
A1	APC	915	VTDERNALR	PSSM	A2	APC	8	QLLKQVEAL	S+P
A1	APC	948	SMPYAKLEY	PSSM	A2	APC	47	VLKQLQGSI	S+P
A1	APC	989	DDESKFCSY	PSSM	A2	APC	307	HLGTKVEMV	S+P
A1	APC	1023	TPINYSLKY	PSSM	A2	APC	314	MVYSLLSML	S+P
A1	APC	1067	QSRNQSTTY	PSSM	A2	APC	352	CLPLLIQLL	S+P
A1	APC	1078	YTESTDDKH	PSSM	A2	APC	464	HAMNELGGL	S+P
A1	APC	1127	QSLCQEDDY	PSSM	A2	APC	525	CMRALVAQL	S+P
A1	APC	1154	EEEERPTNY	PSSM	A2	APC	539	DLQQVIASV	S+P
A1	APC	1158	RPTNYSIKY	PSSM	A2	APC	571	ALMECALEV	S+P
A1	APC	1171	RHVDQPIDY	PSSM	A2	APC	584	TLKSVLSAL	S+P
A1	APC	1175	QPIDYSLKY	PSSM	A2	APC	587	SVLSALWNL	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	APC	612	ALAFLVGTL	S+P
A2	APC	630	AIIESGGGI	S+P
A2	APC	637	GILRNVSSL	S+P
A2	APC	661	CLQTLLQHL	S+P
A2	APC	668	HLKSHSLTI	S+P
A2	APC	741	NIMSPGSSL	S+P
A2	APC	768	HLSETFDNI	S+P
A2	APC	889	KVMEEVSAI	S+P
A2	APC	1382	LMFSRCTSV	S+P
A2	APC	1723	ILAECINSA	S+P
A2	APC	2038	LLQECISSA	S+P
A2	APC	2070	GILGEDLTL	S+P
A2	APC	2383	GLSKNASSI	S+P
A2	APC	2643	LIYQMAPAV	S+P
A24	APC	996	SYGQYPADL	S+P
A24	APC	1641	VYCVEGTPI	S+P
A3	APC	546	SVLRNLSWR	S+P
B7	APC	300	APRRLTSHL	S+P
A1	APC	492	HYSITLRRY	SVM
A1	APC	510	FGDVANKAT	SVM
A1	APC	554	RADVNSKKT	SVM
A1	APC	1001	PADLAHKIH	SVM
A1	APC	1184	ATDIPSSQK	SVM
A1	APC	1293	TQEADSANT	SVM
A1	APC	1320	VSEVPAVSQ	SVM
A1	APC	1482	LPDADTLLH	SVM
A1	APC	1643	CVEGTPINF	SVM
A1	APC	1697	TDEAQGGKT	SVM
A1	APC	1846	YTPIEGTPY	SVM
A1	APC	1889	ESEAKVTSH	SVM
A1	APC	1897	HTELTSNQQ	SVM
A1	APC	1946	ATDEKLQNF	SVM
A1	APC	2488	LPDMSLSTH	SVM
A1	APC	2496	HSSVQAGGW	SVM
A1	APC	2555	SSSLPRVST	SVM
A1	APC	2735	GTEIKPGQN	SVM
A1	APC	2822	STESSGTQS	SVM
A1	APC	2348	TSSPSTAST	SVM
A2	APC	676	IVSNACGTL	SVM
A2	APC	879	QISTTAAQI	SVM
A2	APC	1745	KIMDQVQQA	SVM
A2	APC	2284	PVARQTSQI	SVM
A2	APC	2436	VLVRQSTFI	SVM
A24	APC	415	AYCETCWEW	SVM
A24	APC	1925	PILQKQSTF	SVM
A3	APC	406	VLHLLEQIR	SVM
A3	APC	1391	SSLDSFESR	SVM
A3	APC	1470	AAVNAAVQR	SVM
A3	APC	1515	FIQKDVELR	SVM

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A3	APC	1874	LSREKAELR	SVM
B7	APC	438	MPAPVEHQI	SVM
B7	APC	1000	YPADLAHKI	SVM
B7	APC	2539	LPINRSGTW	SVM
neg	BAGE	13	AQLLQARLM	neg
neg	BAGE	15	LLQARLMKE	neg
neg	BAGE	25	SPVVSWRLE	neg
neg	BAGE	29	SWRLEPEDG	neg
A2	BAGE	8	FLALSAQLL	PSSM
A2	BAGE	19	RLMKEESPV	PSSM
A2	BAGE	20	LMKEESPVV	PSSM
A3	BAGE	14	QLLQARLMK	PSSM
A3	BAGE	31	RLEPEDGTA	PSSM
A2	BAGE	10	ALSAQLLQA	S+P
A1	BAGE	22	KEESPVVSW	SVM
A2	BAGE	7	VFLALSAQL	SVM
neg	BARD	314	LPLENNGKR	neg
neg	BARD	316	LENNGKRGH	neg
neg	BARD	317	ENNGKRGHH	neg
neg	BARD	318	NNGKRGHHN	neg
neg	BARD	319	NGKRGHHNR	neg
neg	BARD	321	KRGHHNRLS	neg
neg	BARD	138	NKKNSIKMW	neg
neg	BARD	140	KNSIKMWFS	neg
neg	BARD	449	QNGSDPNVK	neg
neg	BARD	248	VISSPQING	neg
neg	BARD	249	ISSPQINGE	neg
neg	BARD	459	HAGWTPLHE	neg
neg	BARD	461	GWTPLHEAC	neg
neg	BARD	462	WTPLHEACN	neg
neg	BARD	466	HEACNHGHL	neg
neg	BARD	178	DSYEFVSPS	neg
A1	BARD	57	LREPVCLGG	PSSM
A1	BARD	299	TPEKVCKNY	PSSM
A1	BARD	508	DIVKLLLSY	PSSM
A1	BARD	585	LSELAVILK	PSSM
A1	BARD	731	RFCTQYIIY	PSSM
A2	BARD	39	AALDRLEKL	PSSM
A2	BARD	103	SMIQLCSKL	PSSM
A2	BARD	106	QLCSKLRNL	PSSM
A2	BARD	253	QINGEIDLL	PSSM
A24	BARD	306	NYLTSKKSL	PSSM
A3	BARD	297	VVTPEKVCK	PSSM
A3	BARD	415	KLLPNMAVK	PSSM
A3	BARD	430	TLLHIASIK	PSSM
A3	BARD	589	AVILKAKKY	PSSM
A3	BARD	749	RVRQGKVWK	PSSM
B7	BARD	27	EPDGRGAWA	PSSM
A1	BARD	438	KGDIPSVEY	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	BARD	55	NILREPVCL	S+P	A3	Bcl-2	15	IVMKYIHYK	S+P
A2	BARD	274	SLTEVSLPL	S+P	A1	Bcl-2	113	FAEMSSQLH	SVM
A2	BARD	340	ILSTSGDFV	S+P	A1	Bcl-2	228	GACITLGAY	SVM
A2	BARD	436	SIKGDIPSV	S+P	A2	Bcl-2	219	TLLSLALVG	SVM
A2	BARD	479	LLLQHKALV	S+P	A24	Bcl-2	23	KLSQRGYEW	SVM
A2	BARD	583	KMLSELAVI	S+P	A24	Bcl-2	112	DFAEMSSQL	SVM
A2	BARD	584	MLSELAVIL	S+P	A24	Bcl-2	137	ELFRDGVNW	SVM
A2	BARD	617	TLKCMLGIL	S+P	A24	Bcl-2	144	NWGRIVAFF	SVM
A24	BARD	675	CYFYLWGTF	S+P	A24	Bcl-2	150	AFFEFGGVM	SVM
A24	BARD	762	WFIDCVMSF	S+P	A24	Bcl-2	169	PLVDNIALW	SVM
A3	BARD	13	RIRSGNEPR	S+P	A24	Bcl-2	181	YLNRHLHTW	SVM
A3	BARD	131	SLFNDAGNK	S+P	A3	Bcl-2	19	YIHYKLSQR	SVM
A3	BARD	327	RLSSPISKR	S+P	A3	Bcl-2	100	QAGDDFSRR	SVM
A3	BARD	416	LLPNMAVKR	S+P	A3	Bcl-2	122	LTPFTARGR	SVM
A3	BARD	512	LLLSYGASR	S+P	A3	Bcl-2	132	ATVVEELFR	SVM
B7	BARD	686	HPKDNLIKL	S+P	neg	CA125	595	DSPLIEKPG	neg
A1	BARD	451	GSDPNVKDH	SVM	neg	CA125	600	EKPGLGQIE	neg
A1	BARD	484	KALVNTTGY	SVM	neg	CA125	602	PGLGQIEEE	neg
A1	BARD	714	TQTINTVAY	SVM	neg	CA125	620	PDSMVSVKR	neg
A2	BARD	351	TVPSENIPL	SVM	neg	CA125	637	EEAEEDLSG	neg
A24	BARD	210	TLAEINQKW	SVM	neg	CA125	643	LSGTQFVCE	neg
A3	BARD	104	MIQLCSKLR	SVM	neg	CA125	458	HWRLSHKGQ	neg
A3	BARD	397	STLSSSSYR	SVM	neg	CA125	463	HKGQQFGPR	neg
A3	BARD	521	NAVNIFGLR	SVM	neg	CA125	623	MVSVKRKAE	neg
A3	BARD	558	SVMNTGQRR	SVM	neg	CA125	627	KRKAENIAS	neg
A3	BARD	697	AGGGQILSR	SVM	neg	CA125	630	AENIASVEE	neg
A3	BARD	741	DLCNYHPER	SVM	neg	CA125	633	IASVEEAEE	neg
B7	BARD	83	CPVCYTPAW	SVM	neg	CA125	634	ASVEEAEED	neg
neg	Bcl-2	124	PFTARGRFA	neg	A1	CA125	40	DLNTIQIKY	PSSM
neg	Bcl-2	129	GRFATVVEE	neg	A1	CA125	200	SEETLFLPE	PSSM
neg	Bcl-2	136	EELFRDGVN	neg	A1	CA125	240	CEDCEAGPY	PSSM
neg	Bcl-2	94	VHLTLRQAG	neg	A1	CA125	283	ALEQVRLQK	PSSM
neg	Bcl-2	96	LTLRQAGDD	neg	A1	CA125	292	QVDKNFLKA	PSSM
neg	Bcl-2	85	PALSPVPPV	neg	A1	CA125	506	QQEETFLLA	PSSM
neg	Bcl-2	95	HLTLRQAGD	neg	A1	CA125	728	SSEDYIIIL	PSSM
neg	Bcl-2	98	LRQAGDDFS	neg	A1	CA125	950	VTELLQLNN	PSSM
A2	Bcl-2	218	KTLLSLALV	PSSM	A2	CA125	48	YLDEENEEV	PSSM
A2	Bcl-2	221	LLSLALVGA	PSSM	A2	CA125	809	PLIPEVVEL	PSSM
A24	Bcl-2	202	LYGPSMRPL	PSSM	A2	CA125	837	DLPVTIPEV	PSSM
A3	Bcl-2	97	TLRQAGDDF	PSSM	A2	CA125	945	NILQVVTEL	PSSM
A3	Bcl-2	232	TLGAYLGHK	PSSM	A24	CA125	113	HYSSLVRVL	PSSM
B7	Bcl-2	65	DPVARTSPL	PSSM	A24	CA125	547	LYIPSVDLL	PSSM
B7	Bcl-2	75	TPAAPGAAA	PSSM	A3	CA125	101	RLAARAGKK	PSSM
B7	Bcl-2	90	VPPVVHLTL	PSSM	A3	CA125	403	NVKWSADTK	PSSM
B7	Bcl-2	208	RPLFDFSWL	PSSM	A3	CA125	933	QLNLRLLKK	PSSM
A1	Bcl-2	101	AGDDFSRRY	S+P	B7	CA125	109	KPLAHYSSL	PSSM
A1	Bcl-2	195	GWDAFVELY	S+P	B7	CA125	130	DPAVQSFPL	PSSM
A2	Bcl-2	223	SLALVGACI	S+P	B7	CA125	343	SPLGRPESL	PSSM
A2	Bcl-2	225	ALVGACITL	S+P	B7	CA125	590	SPLPHDSPL	PSSM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
B7	CA125	775	EPAEAGERL	PSSM	A2	Cdk4	148	VTSGGTVKL	PSSM
A1	CA125	20	VSDPENTTW	S+P	A2	Cdk4	168	QMALTPVVV	PSSM
A1	CA125	958	NNDWYSQRY	S+P	A24	Cdk4	179	WYRAPEVLL	PSSM
A2	CA125	110	PLAHYSSLV	S+P	A3	Cdk4	38	RVPNGGGGG	PSSM
A2	CA125	279	RLPAALEQV	S+P	A3	Cdk4	73	RLMDVCATS	PSSM
A2	CA125	330	HLWNSIHGL	S+P	A3	Cdk4	289	ALQHSYLHK	PSSM
A2	CA125	433	CLKAGHVGV	S+P	B7	Cdk4	253	GPRPVQSVV	PSSM
A2	CA125	618	ALPDSMVSV	S+P	A1	Cdk4	10	VAEIGVGAY	S+P
A2	CA125	884	GLVKGALSV	S+P	A1	Cdk4	96	HVDQDLRTY	S+P
A3	CA125	4	QVTLNVTFK	S+P	A1	Cdk4	218	NSEADQLGK	S+P
A3	CA125	164	QVVNETVEK	S+P	A2	Cdk4	147	ILVTSGGTV	S+P
A3	CA125	172	KLEQKLHEK	S+P	A2	Cdk4	164	RIYSYQMAL	S+P
A3	CA125	418	NLTLASTEK	S+P	A2	Cdk4	171	ALTPVVVTL	S+P
A3	CA125	879	SSIAGGLVK	S+P	A2	Cdk4	178	TLWYRAPEV	S+P
A1	CA125	28	WADIEAMVK	SVM	A3	Cdk4	54	TVREVALLR	S+P
A1	CA125	38	SFDLNTIQI	SVM	A3	Cdk4	148	LVTSGGTVK	S+P
A1	CA125	450	ALEGTYTSH	SVM	A3	Cdk4	156	KLADFGLAR	S+P
A1	CA125	640	EEDLSGTQF	SVM	B7	Cdk4	113	LPAETIKDL	S+P
A1	CA125	795	ISDILTTSQ	SVM	A1	Cdk4	14	GVGAYGTVY	SVM
A1	CA125	862	LVNSRQKSY	SVM	A1	Cdk4	172	LTPVVVTLW	SVM
A1	CA125	869	SYDHSRHHH	SVM	A2	Cdk4	13	IGVGAYGTV	SVM
A1	CA125	889	ALSVAASAY	SVM	A2	Cdk4	223	QLGKIFDLI	SVM
A2	CA125	351	LLQSNTLML	SVM	A24	Cdk4	59	ALLRRLEAF	SVM
A2	CA125	411	KLKFMWGNL	SVM	A24	Cdk4	93	VFEHVDQDL	SVM
A2	CA125	813	EVVELPPSL	SVM	A24	Cdk4	167	SYQMALTPV	SVM
A24	CA125	153	WFTSYLETF	SVM	A24	Cdk4	271	QLLLEMLTF	SVM
A24	CA125	205	FLPENQFSW	SVM	A3	Cdk4	15	VGAYGTVYK	SVM
A24	CA125	745	PWGILCTAL	SVM	A3	Cdk4	48	GGLPISTVR	SVM
A3	CA125	111	LAHYSSLVR	SVM	A3	Cdk4	174	PVVVTLWYR	SVM
A3	CA125	452	EGTYTSHWR	SVM	A3	Cdk4	202	GCIFAEMFR	SVM
A3	CA125	647	QFVCETVIR	SVM	A3	Cdk4	203	CIFAEMFRR	SVM
A3	CA125	890	LSVAASAYK	SVM	A3	Cdk4	276	MLTFNPHKR	SVM
B7	CA125	149	KPPDWFTSY	SVM	B7	Cdk4	50	LPISTVREV	SVM
B7	CA125	197	MPTSEETLF	SVM	B7	Cdk4	250	FPPRGPRPV	SVM
B7	CA125	359	LPLQPCTSV	SVM	neg	CEA	266	PAQYSWFVN	neg
B7	CA125	368	MPMLSAAFV	SVM	neg	CEA	270	SWFVNGTFQ	neg
B7	CA125	577	VPHNTPVDV	SVM	neg	CEA	271	WFVNGTFQQ	neg
B7	CA125	581	TPVDVTPCM	SVM	neg	CEA	452	DGNIQQHTQ	neg
neg	Cdk4	143	PENILVTSG	neg	neg	CEA	453	GNIQQHTQE	neg
neg	Cdk4	144	ENILVTSGG	neg	neg	CEA	455	IQQHTQELF	neg
neg	Cdk4	257	VQSVVPEME	neg	neg	CEA	457	QHTQELFIS	neg
neg	Cdk4	115	ETIKDLMRQ	neg	neg	CEA	224	RRSDSVILN	neg
neg	Cdk4	121	MRQFLRGLD	neg	neg	CEA	510	SKPVEDKDA	neg
neg	Cdk4	77	VCATSRTDR	neg	neg	CEA	489	TTVKTITVS	neg
neg	Cdk4	78	CATSRTDRE	neg	neg	CEA	491	VKTITVSAE	neg
A1	Cdk4	172	TPVVVTLWY	PSSM	neg	CEA	496	VSAELPKPS	neg
A2	Cdk4	4	SRYEPVAEI	PSSM	A1	CEA	168	EPETQDATY	PSSM
A2	Cdk4	52	STVREVALL	PSSM	A1	CEA	383	VTRNDVGPY	PSSM
A2	Cdk4	120	LMRQFLRGL	PSSM	A1	CEA	403	HSDPVILNV	PSSM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A1	CEA	524	EPEAQNTTY	PSSM	neg	CLCA2	164	HEWAHLRWG	neg
A1	CEA	581	RSDPVTLDV	PSSM	neg	CLCA2	336	EFYLMQIVE	neg
A2	CEA	192	QLSNGNRTL	PSSM	neg	CLCA2	510	LKNTVTVDN	neg
A2	CEA	380	LLSVTRNDV	PSSM	neg	CLCA2	511	KNTVTVDNT	neg
A2	CEA	694	GVLVGVALI	PSSM	neg	CLCA2	517	DNTVGNDTM	neg
A24	CEA	412	LYGPDDPTI	PSSM	neg	CLCA2	521	GNDTMFLVT	neg
B7	CEA	185	LPVSPRLQL	PSSM	neg	CLCA2	522	NDTMFLVTW	neg
A1	CEA	241	TISPLNTSY	S+P	neg	CLCA2	525	MFLVTWQAS	neg
A1	CEA	311	TTVTTITVY	S+P	neg	CLCA2	543	PDGRKYYTN	neg
A1	CEA	346	EPEIQNTTY	S+P	neg	CLCA2	695	PSISTPAHS	neg
A1	CEA	597	IISPPDSSY	S+P	neg	CLCA2	700	PAHSIPGSH	neg
A2	CEA	78	QIIGYVIGT	S+P	neg	CLCA2	717	ANGNIQMNA	neg
A2	CEA	100	IIYPNASLL	S+P	neg	CLCA2	719	GNIQMNAPR	neg
A2	CEA	283	ELFIPNITV	S+P	neg	CLCA2	728	KSVGRNEEE	neg
A2	CEA	569	YVCGIQNSV	S+P	neg	CLCA2	734	EEERKWGFS	neg
A2	CEA	589	VLYGPDTPI	S+P	neg	CLCA2	198	SDITGIFVC	neg
A2	CEA	605	YLSGANLNL	S+P	neg	CLCA2	203	IFVCEKGPC	neg
A2	CEA	691	IMIGVLVGV	S+P	neg	CLCA2	253	CNASTHNQE	neg
A24	CEA	101	IYPNASLLI	S+P	neg	CLCA2	662	GADVIKNDG	neg
A24	CEA	234	LYGPDAPTI	S+P	neg	CLCA2	678	SFAANGRYS	neg
A24	CEA	425	TYYRPGVNL	S+P	neg	CLCA2	680	AANGRYSLK	neg
A24	CEA	590	LYGPDTPII	S+P	A1	CLCA2	23	SSELPFLGA	PSSM
A24	CEA	624	QYSWRINGI	S+P	A1	CLCA2	222	FKEGCTFIY	PSSM
A24	CEA	652	TYACFVSNL	S+P	A2	CLCA2	87	ILIPATWKA	PSSM
A3	CEA	61	HLFGYSWYK	S+P	A2	CLCA2	303	SLVQAGDKV	PSSM
A3	CEA	377	TLTLLSVTR	S+P	A2	CLCA2	448	SAAPNLEEL	PSSM
A1	CEA	303	NSDTGLNRT	SVM	A2	CLCA2	556	NLTFRTASL	PSSM
A1	CEA	344	TCEPEIQNT	SVM	A2	CLCA2	578	TLNNTHHSL	PSSM
A1	CEA	419	TISPSYTYY	SVM	A2	CLCA2	585	SLQALKVTV	PSSM
A1	CEA	450	LIDGNIQQH	SVM	A2	CLCA2	769	IIDLEAVKV	PSSM
A1	CEA	467	ITEKNSGLY	SVM	A2	CLCA2	901	LILKGVLTA	PSSM
A1	CEA	522	TCEPEAQNT	SVM	A24	CLCA2	154	GYGSRGRVF	PSSM
A2	CEA	535	WVNGQSLPV	SVM	A24	CLCA2	624	IYANVKQGF	PSSM
A2	CEA	687	ATVGIMIGV	SVM	A24	CLCA2	899	DYLILKGVL	PSSM
A24	CEA	533	LWWVNGQSL	SVM	A3	CLCA2	126	TLQYRGCGK	PSSM
A24	CEA	14	PWQRLLLTA	SVM	A3	CLCA2	313	CLVLDVSSK	PSSM
A24	CEA	19	LLTASLLTF	SVM	A3	CLCA2	416	ILVTSGDDK	PSSM
A3	CEA	420	ISPSYTYYR	SVM	A3	CLCA2	563	SLWIPGTAK	PSSM
A3	CEA	692	MIGVLVGVA	SVM	A3	CLCA2	621	PVMIYANVK	PSSM
neg	CLCA2	544	DGRKYYTNN	neg	A3	CLCA2	768	KIIDLEAVK	PSSM
neg	CLCA2	545	GRKYYTNNF	neg	B7	CLCA2	755	VPAGPHPDV	PSSM
neg	CLCA2	546	RKYYTNNFI	neg	B7	CLCA2	893	DPVPARDYL	PSSM
neg	CLCA2	726	PRKSVGRNE	neg	A1	CLCA2	65	ITEASFYLF	S+P
neg	CLCA2	727	RKSVGRNEE	neg	A1	CLCA2	121	GDDPYTLQY	S+P
neg	CLCA2	731	GRNEEERKW	neg	A1	CLCA2	540	LFDPDGRKY	S+P
neg	CLCA2	736	ERKWGFSRV	neg	A1	CLCA2	648	TGDPVTLRL	S+P
neg	CLCA2	737	RKWGFSRVS	neg	A1	CLCA2	667	KNDGIYSRY	S+P
neg	CLCA2	738	KWGFSRVSS	neg	A2	CLCA2	18	LLVALSSEL	S+P
neg	CLCA2	159	GRVFVHEWA	neg	A2	CLCA2	21	ALSSELPFL	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	CLCA2	43	LLIAINPQV	S+P	B7	CLCA2	704	IPGSHAMYV	SVM
A2	CLCA2	264	NLQNQMCSL	S+P	B7	CLCA2	618	FPHPVMIYA	SVM
A2	CLCA2	310	KVVCLVLDV	S+P	neg	E2BA	107	SRNKIADLC	neg
A2	CLCA2	341	QIVEIHTFV	S+P	neg	E2BA	152	VTESQPDLS	neg
A2	CLCA2	375	LLVSYLPTT	S+P	neg	E2BA	153	TESQPDLSG	neg
A2	CLCA2	425	LLGNCLPTV	S+P	neg	E2BA	157	PDLSGKKMA	neg
A2	CLCA2	482	RISSGTGDI	S+P	neg	E2BA	161	GKKMAKALC	neg
A2	CLCA2	873	SLQSAVSNI	S+P	neg	E2BA	87	SKCKKIMIE	neg
A2	CLCA2	902	ILKGVLTAM	S+P	neg	E2BA	89	CKKIMIERG	neg
A2	CLCA2	908	TAMGLIGII	S+P	neg	E2BA	90	KKIMIERGE	neg
A2	CLCA2	911	GLIGIICLI	S+P	neg	E2BA	95	ERGELFLRR	neg
A2	CLCA2	914	GIICLIIVV	S+P	neg	E2BA	97	GELFLRRIS	neg
A24	CLCA2	39	GYNGLLIAI	S+P	neg	E2BA	121	DGATILTHA	neg
A24	CLCA2	137	KYIHFTPNF	S+P	neg	E2BA	123	ATILTHAYS	neg
A24	CLCA2	183	FYINGQNQI	S+P	A1	E2BA	1	MDDKELIEY	PSSM
A24	CLCA2	337	FYLMQIVEI	S+P	A1	E2BA	267	KEEHPWVDY	PSSM
A24	CLCA2	671	IYSRYFFSF	S+P	A2	E2BA	275	YTAPSLITL	PSSM
A3	CLCA2	86	KILIPATWK	S+P	A24	E2BA	184	GYIMEKADL	PSSM
A3	CLCA2	150	NLTAGYGSR	S+P	A3	E2BA	100	FLRRISLSR	PSSM
A3	CLCA2	390	ISICSGLKK	S+P	A3	E2BA	136	RVLEAAVAA	PSSM
A3	CLCA2	538	IILFDPDGR	S+P	A3	E2BA	137	VLEAAVAAK	PSSM
B7	CLCA2	571	KPGHWTYTL	S+P	A3	E2BA	158	DLSGKKMAK	PSSM
B7	CLCA2	764	FPPCKIIDL	S+P	A3	E2BA	177	VVLDAAVGY	PSSM
B7	CLCA2	895	VPARDYLIL	S+P	A3	E2BA	216	AVCAKAQNK	PSSM
A1	CLCA2	163	VHEWAHLRW	SVM	B7	E2BA	277	APSLITLLF	PSSM
A1	CLCA2	279	ITDSADFHH	SVM	B7	E2BA	292	TPSAVSDEL	PSSM
A2	CLCA2	5	SIAGPICNL	SVM	A1	E2BA	75	FISLASLEY	S+P
A2	CLCA2	14	KFVTLLVAL	SVM	A1	E2BA	244	QDVPDKFKY	S+P
A2	CLCA2	64	MITEASFYL	SVM	A1	E2BA	296	VSDELIKLY	S+P
A2	CLCA2	429	CLPTVLSSG	SVM	A2	E2BA	19	DMASAVAAI	S+P
A2	CLCA2	526	FLVTWQASG	SVM	A2	E2BA	41	TIQGLRANL	S+P
A2	CLCA2	781	LTLSWTAPG	SVM	A2	E2BA	55	TLCGVDSSV	S+P
A2	CLCA2	835	EIFTFSPQI	SVM	A2	E2BA	118	FIKDGATIL	S+P
A2	CLCA2	880	NIAQAPLFI	SVM	A2	E2BA	125	ILTHAYSRV	S+P
A2	CLCA2	906	VLTAMGLIG	SVM	A2	E2BA	163	KMAKALCHL	S+P
A2	CLCA2	912	LIGIICLII	SVM	A2	E2BA	167	ALCHLNVPV	S+P
A24	CLCA2	27	PFLGAGVQL	SVM	A2	E2BA	170	HLNVPVTVV	S+P
A24	CLCA2	80	VFFRNIKIL	SVM	A2	E2BA	178	VLDAAVGYI	S+P
A24	CLCA2	161	VFVHEWAHL	SVM	A2	E2BA	185	YIMEKADLV	S+P
A24	CLCA2	220	KLFKEGCTF	SVM	A2	E2BA	193	VIVGAEGVV	S+P
A24	CLCA2	241	MFMQSLSSV	SVM	A2	E2BA	209	KIGTNQMAV	S+P
A24	CLCA2	410	AYGSVMILV	SVM	A2	E2BA	280	LITLLFTDL	S+P
A24	CLCA2	632	FYPILNATV	SVM	A2	E2BA	283	LLFTDLGVL	S+P
A3	CLCA2	71	YLFNATKRR	SVM	A2	E2BA	295	AVSDELIKL	S+P
A3	CLCA2	75	ATKRRVFFR	SVM	A24	E2BA	117	TFIKDGATI	S+P
A3	CLCA2	162	FVHEWAHLR	SVM	A1	E2BA	78	LASLEYSDY	SVM
A3	CLCA2	353	SFDSKGEIR	SVM	A1	E2BA	83	YSDYSKCKK	SVM
A3	CLCA2	552	NFITNLTFR	SVM	A1	E2BA	119	IKDGATILT	SVM
A3	CLCA2	647	ETGDPVTLR	SVM	A2	E2BA	228	VVAESFKFV	SVM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A24	E2BA	129	AYSRVVLRV	SVM	neg	GAGE	79	GHPQTGCEC	neg
A24	E2BA	225	PFYVVAESF	SVM	neg	GAGE	78	QGHPQTGCE	neg
A24	E2BA	238	LFPLNQQDV	SVM	neg	GAGE	81	PQTGCECED	neg
A3	E2BA	20	MASAVAAIR	SVM	A1	GAGE	107	PEEEMRSHY	PSSM
A3	E2BA	66	SSGGELFLR	SVM	A2	GAGE	116	VAQTGILWL	PSSM
A3	E2BA	124	TILTHAYSR	SVM	A24	GAGE	15	RYVEPPEMI	PSSM
A3	E2BA	128	HAYSRVVLR	SVM	A2	GAGE	123	WLLMNNCFL	S+P
A3	E2BA	181	AAVGYIMEK	SVM	A2	GAGE	125	LMNNCFLNL	S+P
A3	E2BA	229	VAESFKFVR	SVM	A24	GAGE	114	HYVAQTGIL	S+P
neg	E2F1	308	PGKTPSQEV	neg	A1	GAGE	8	TYRPRPRRY	SVM
neg	E2F1	309	GKTPSQEVT	neg	A24	GAGE	122	LWLLMNNCF	SVM
neg	E2F1	97	DHQYLAESS	neg	neg	Her2/neu	351	REVRAVTSA	neg
neg	E2F1	98	HQYLAESSG	neg	neg	Her2/neu	357	TSANIQEFA	neg
neg	E2F1	290	QGPIDVFLC	neg	neg	Her2/neu	358	SANIQEFAG	neg
neg	E2F1	293	IDVFLCPEE	neg	neg	Her2/neu	791	TSTVQLVTQ	neg
neg	E2F1	297	LCPEETVGG	neg	neg	Her2/neu	797	VTQLMPYGC	neg
neg	E2F1	301	ETVGGISPG	neg	neg	Her2/neu	194	PCSPMCKGS	neg
A1	E2F1	95	ETDHQYLAE	PSSM	neg	Her2/neu	697	VEPLTPSGA	neg
A2	E2F1	202	RLEGLTQDL	PSSM	neg	Her2/neu	700	LTPSGAMPN	neg
A2	E2F1	205	GLTQDLRQL	PSSM	neg	Her2/neu	702	PSGAMPNQA	neg
A2	E2F1	223	LMNICTTQL	PSSM	neg	Her2/neu	591	KDPPFCVAR	neg
A2	E2F1	401	SLSPPHEAL	PSSM	neg	Her2/neu	599	RCPSGVKPD	neg
A3	E2F1	33	IVIISAAQD	PSSM	neg	Her2/neu	625	PCPINCTHS	neg
B7	E2F1	47	APTGPAAPA	PSSM	neg	Her2/neu	631	THSCVDLDD	neg
B7	E2F1	75	TPSARPAL	PSSM	neg	Her2/neu	633	SCVDLDDKG	neg
A1	E2F1	237	DTDSQRLAY	S+P	neg	Her2/neu	640	KGCPAEQRA	neg
A1	E2F1	343	TTDPSQSLL	S+P	neg	Her2/neu	756	RENTSPKAN	neg
A2	E2F1	26	RLLDSSQIV	S+P	neg	Her2/neu	425	FQNLQVIRG	neg
A2	E2F1	166	RIYDITNVL	S+P	neg	Her2/neu	426	QNLQVIRGR	neg
A3	E2F1	18	ALLGAGALR	S+P	neg	Her2/neu	438	NGAYSLTLQ	neg
A3	E2F1	358	LLSRMGSLR	S+P	neg	Her2/neu	441	YSLTLQGLG	neg
A2	E2F1	2	ALAGAPAGG	SVM	neg	Her2/neu	703	SGAMPNQAQ	neg
A2	E2F1	24	LLGAGALRL	SVM	neg	Her2/neu	720	LRKVKVLGS	neg
A2	E2F1	100	YLAESSGPA	SVM	neg	Her2/neu	721	RKVKVLGSG	neg
A2	E2F1	136	NVLEGIQLI	SVM	neg	Her2/neu	709	QAQMRILKE	neg
A2	E2F1	142	LLSHSADGV	SVM	neg	Her2/neu	891	LESILRRRF	neg
A2	E2F1	190	WLGSHTTVG	SVM	neg	Her2/neu	892	ESILRRRFT	neg
A2	E2F1	357	PLLSRMGSL	SVM	neg	Her2/neu	895	LRRRFTHQS	neg
A2	E2F1	394	LLPEEFISL	SVM	neg	Her2/neu	899	FTHQSDVWS	neg
A3	E2F1	83	LGRPPVKRR	SVM	neg	Her2/neu	901	HQSDVWSYG	neg
A3	E2F1	101	LAESSGPAR	SVM	A1	Her2/neu	403	LEEITGYLY	PSSM
A3	E2F1	158	EVLKVQKRR	SVM	A1	Her2/neu	764	NKEILDEAY	PSSM
B7	E2F1	298	CPEETVGGI	SVM	A2	Her2/neu	15	LLPPGAAST	PSSM
neg	GAGE	88	EDGPDGQEM	neg	A2	Her2/neu	106	QLFEDNYAL	PSSM
neg	GAGE	89	DGPDGQEMD	neg	A2	Her2/neu	153	VLIQRNPQL	PSSM
neg	GAGE	60	DEGASAGQG	neg	A2	Her2/neu	457	SLRELGSGL	PSSM
neg	GAGE	50	QDPAAAQEG	neg	A2	Her2/neu	466	ALIHHNTHL	PSSM
neg	GAGE	56	QEGEDEGAS	neg	A2	Her2/neu	1093	GAAKGLQSL	PSSM
neg	GAGE	77	EQGHPQTGC	neg	A2	Her2/neu	1172	TLSPGKNGV	PSSM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A24	Her2/neu	342	CYGLGMEHL	PSSM	A1	Her2/neu	861	ITDFGLARL	SVM
A24	Her2/neu	553	EYVNARHCL	PSSM	A2	Her2/neu	664	VVVLGVVFG	SVM
A24	Her2/neu	1022	EYLVPQQGF	PSSM	A2	Her2/neu	821	DLLNWCMQI	SVM
A3	Her2/neu	98	RLRIVRGTQ	PSSM	A2	Her2/neu	904	DVWSYGVTV	SVM
A3	Her2/neu	24	QVCTGTDMK	PSSM	A2	Her2/neu	911	TVWELMTFG	SVM
A3	Her2/neu	34	RLPASPETH	PSSM	A2	Her2/neu	948	TIDVYMIMV	SVM
A3	Her2/neu	429	QVIRGRILH	PSSM	A2	Her2/neu	953	MIMVKCWMI	SVM
A3	Her2/neu	663	LVVVLGVVF	PSSM	A2	Her2/neu	1183	DVFAFGGAV	SVM
A3	Her2/neu	673	ILIKRRQQK	PSSM	A24	Her2/neu	8	RWGLLLALL	SVM
A3	Her2/neu	714	ILKETELRK	PSSM	A24	Her2/neu	300	PYNYLSTDV	SVM
A3	Her2/neu	754	VLRENTSPK	PSSM	A24	Her2/neu	414	AWPDSLPDL	SVM
B7	Her2/neu	384	DPASNTAPL	PSSM	A24	Her2/neu	802	PYGCLLDHV	SVM
B7	Her2/neu	600	CPSGVKPDL	PSSM	A24	Her2/neu	968	RFRELVSEF	SVM
B7	Her2/neu	698	EPLTPSGAM	PSSM	A3	Her2/neu	322	VTAEDGTQR	SVM
B7	Her2/neu	740	IPDGENVKI	PSSM	A3	Her2/neu	418	SLPDLSVFQ	SVM
B7	Her2/neu	760	SPKANKEIL	PSSM	A3	Her2/neu	669	VVFGILIKR	SVM
A1	Her2/neu	42	HLDMLRHLY	S+P	A3	Her2/neu	705	AMPNQAQMR	SVM
A1	Her2/neu	835	YLEDVRLVH	S+P	A3	Her2/neu	713	RILKETELR	SVM
A1	Her2/neu	869	LLDIDETEY	S+P	A3	Her2/neu	728	SGAFGTVYK	SVM
A2	Her2/neu	5	ALCRWGLLL	S+P	A3	Her2/neu	889	MALESILRR	SVM
A2	Her2/neu	48	HLYQGCQVV	S+P	A3	Her2/neu	921	KPYDGIPAR	SVM
A2	Her2/neu	369	KIFGSLAFL	S+P	A3	Her2/neu	960	MIDSECRPR	SVM
A2	Her2/neu	402	TLEEITGYL	S+P	A3	Her2/neu	998	SPLDSTFYR	SVM
A2	Her2/neu	411	YISAWPDSL	S+P	A3	Her2/neu	1230	RGAPPSTFK	SVM
A2	Her2/neu	435	ILHNGAYSL	S+P	B7	Her2/neu	65	LPTNASLSF	SVM
A2	Her2/neu	460	ELGSGLALI	S+P	B7	Her2/neu	94	VPLQRLRIV	SVM
A2	Her2/neu	650	PLTSIISAV	S+P	neg	hTert	253	QGSWAHPGR	neg
A2	Her2/neu	653	SIISAVVGI	S+P	neg	hTert	254	GSWAHPGRT	neg
A2	Her2/neu	654	IISAVVGIL	S+P	neg	hTert	255	SWAHPGRTR	neg
A2	Her2/neu	657	AVVGILLVV	S+P	neg	hTert	256	WAHPGRTRG	neg
A2	Her2/neu	658	VVGILLVVV	S+P	neg	hTert	553	VVELLRSFF	neg
A2	Her2/neu	661	ILLVVVLGV	S+P	neg	hTert	554	VELLRSFFY	neg
A2	Her2/neu	662	LLVVVLGVV	S+P	neg	hTert	557	LRSFFYVTE	neg
A2	Her2/neu	666	VLGVVFGIL	S+P	neg	hTert	559	SFFYVTETT	neg
A2	Her2/neu	689	RLLQETELV	S+P	neg	hTert	561	FYVTETTFQ	neg
A2	Her2/neu	789	CLTSTVQLV	S+P	neg	hTert	563	VTETTFQKN	neg
A2	Her2/neu	799	QLMPYGCLL	S+P	neg	hTert	564	TETTFQKNR	neg
A2	Her2/neu	851	VLVKSPNHV	S+P	neg	hTert	565	ETTFQKNRL	neg
A24	Her2/neu	780	PYVSRLLGI	S+P	neg	hTert	566	TTFQKNRLF	neg
A3	Her2/neu	90	QVRQVPLQR	S+P	neg	hTert	567	TFQKNRLFF	neg
A3	Her2/neu	167	ILWKDIFHK	S+P	neg	hTert	568	FQKNRLFFY	neg
A3	Her2/neu	668	GVVFGILIK	S+P	neg	hTert	569	QKNRLFFYR	neg
A3	Her2/neu	776	GVGSPYVSR	S+P	neg	hTert	570	KNRLFFYRK	neg
A3	Her2/neu	841	LVHRDLAAR	S+P	neg	hTert	577	RKSVWSKLQ	neg
A3	Her2/neu	860	KITDFGLAR	S+P	neg	hTert	578	KSVWSKLQS	neg
B7	Her2/neu	35	LPASPETHL	S+P	neg	hTert	580	VWSKLQSIG	neg
B7	Her2/neu	926	IPAREIPDL	S+P	neg	hTert	655	TSRVKALFS	neg
B7	Her2/neu	941	LPQPPICTI	S+P	neg	hTert	656	SRVKALFSV	neg
A1	Her2/neu	232	PTDCCHEQC	SVM	neg	hTert	658	VKALFSVLN	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	hTert	660	ALFSVLNYE	neg
neg	hTert	666	NYERARRPG	neg
neg	hTert	667	YERARRPGL	neg
neg	hTert	668	ERARRPGLL	neg
neg	hTert	676	LGASVLGLD	neg
neg	hTert	677	GASVLGLDD	neg
neg	hTert	678	ASVLGLDDI	neg
A1	hTert	130	ALRGSGAWG	PSSM
A1	hTert	615	ALLTSRLRF	PSSM
A1	hTert	838	STLLCSLCY	PSSM
A1	hTert	913	ALGGTAFVQ	PSSM
A2	hTert	49	ALVAQCLVC	PSSM
A2	hTert	96	VLAFGFALL	PSSM
A2	hTert	151	HLLARCALF	PSSM
A2	hTert	206	SVREAGVPL	PSSM
A2	hTert	243	APEPERTPV	PSSM
A2	hTert	288	ALSGTRHSH	PSSM
A2	hTert	626	KPDGLRPIV	PSSM
A2	hTert	699	AQDPPPELY	PSSM
A2	hTert	764	STLTDLQPY	PSSM
A2	hTert	817	AVRIRGKSY	PSSM
A2	hTert	831	IPQGSILST	PSSM
A2	hTert	1036	ISDTASLCY	PSSM
A2	hTert	1081	KLTRHRVTY	PSSM
A24	hTert	1	MPRAPRCRA	PSSM
A24	hTert	9	AVRSLLRSH	PSSM
A24	hTert	76	CLKELVARV	PSSM
A24	hTert	167	AYQVCGPPL	PSSM
A24	hTert	324	VYAETKHFL	PSSM
A24	hTert	418	AVTPAAGVC	PSSM
A24	hTert	461	VYGFVRACL	PSSM
A24	hTert	740	CVRRYAVVQ	PSSM
A24	hTert	1009	AYRFHACVL	PSSM
A3	hTert	27	FVRRLGPQG	PSSM
A3	hTert	83	RVLQRLCER	PSSM
A3	hTert	87	RLCERGAKN	PSSM
A3	hTert	143	RVGDDVLVH	PSSM
A3	hTert	277	RPAEEATSL	PSSM
A3	hTert	342	RPSFLLSSL	PSSM
A3	hTert	378	RLPRLPQRY	PSSM
A3	hTert	385	RYWQMRPLF	PSSM
A3	hTert	442	DTDPRRLVQ	PSSM
A3	hTert	444	DPRRLVQLL	PSSM
A3	hTert	450	QLLRQHSSP	PSSM
A3	hTert	471	RLVPPGLWG	PSSM
A3	hTert	486	RFLRNTKKF	PSSM
A3	hTert	494	FISLGKHAK	PSSM
A3	hTert	507	ELTWKMSVR	PSSM
A3	hTert	519	WLRRSPGVG	PSSM

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A3	hTert	535	RLREEILAK	PSSM
A3	hTert	544	FLHWLMSVY	PSSM
A3	hTert	595	RVQLRELSE	PSSM
A3	hTert	613	RPALLTSRL	PSSM
A3	hTert	622	RFIPKPDGL	PSSM
A3	hTert	637	DYVVGARTF	PSSM
A3	hTert	657	RVKALFSVL	PSSM
A3	hTert	693	FVLRVRAQD	PSSM
A3	hTert	772	YMRQFVAHL	PSSM
A3	hTert	819	RIRGKSYVQ	PSSM
A3	hTert	845	CYGDMENKL	PSSM
A3	hTert	883	FLRTLVRGV	PSSM
A3	hTert	934	LLDTRTLEV	PSSM
A3	hTert	938	RTLEVQSDY	PSSM
A3	hTert	986	FLDLQVNSL	PSSM
B7	hTert	215	GLPAPGARR	PSSM
B7	hTert	562	YVTETTFQK	PSSM
B7	hTert	586	SIGIRQHLK	PSSM
B7	hTert	731	SIIKPQNTY	PSSM
B7	hTert	797	SLNEASSGL	PSSM
B7	hTert	932	GLLLDTRTL	PSSM
B7	hTert	957	SLTFNRGFK	PSSM
B7	hTert	1089	YVPLLGSLR	PSSM
A1	hTert	123	LPNTVTDAL	S+P
A1	hTert	548	LMSVYVVEL	S+P
A1	hTert	548	LMSVYVVEL	S+P
A1	hTert	1107	LPGTTLTAL	S+P
A1	hTert	1122	ALPSDFKTI	S+P
A1	hTert	1123	LPSDFKTIL	S+P
A2	hTert	50	LVAQCLVCV	S+P
A2	hTert	513	SVRDCAWLR	S+P
A2	hTert	540	ILAKFLHWL	S+P
A2	hTert	550	SVYVVELLR	S+P
A2	hTert	660	KALFSVLNY	S+P
A2	hTert	836	ILSTLLCSL	S+P
A2	hTert	973	KLFGVLRLK	S+P
A2	hTert	1003	KILLLQAYR	S+P
A2	hTert	1065	LPSEAVQWL	S+P
A2	hTert	1088	TYVPLLGSL	S+P
A24	hTert	927	LFPWCGLLL	S+P
A3	hTert	79	ELVARVLQR	S+P
A3	hTert	152	LLARCALFV	S+P
A3	hTert	325	YAETKHFLY	S+P
A3	hTert	653	RLTSRVKAL	S+P
A3	hTert	675	LLGASVLGL	S+P
A3	hTert	724	RLTEVIASI	S+P
A3	hTert	865	RLVDDFLLV	S+P
A3	hTert	869	DFLLVTPHL	S+P
A3	hTert	979	RLKCHSLFL	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A3	hTert	1035	RVISDTASL	S+P	B7	hTert	682	GLDDIHRAW	SVM
A3	hTert	1072	WLCHQAFLL	S+P	B7	hTert	803	SGLFDVFLR	SVM
B7	hTert	346	LLSSLRPSL	S+P	B7	hTert	804	GLFDVFLRF	SVM
B7	hTert	617	LLTSRLRFI	S+P	B7	hTert	862	LLLRLVDDF	SVM
B7	hTert	926	GLFPWCGLL	S+P	neg	IL-24	125	HNRTVEVRT	neg
B7	hTert	993	SLQTVCTNI	S+P	neg	IL-24	135	KSFSTLANN	neg
A1	hTert	22	LPLATFVRR	SVM	neg	IL-24	113	LEFYLKTVF	neg
A1	hTert	304	HAGPPSTSR	SVM	neg	IL-24	117	LKTVFKNYH	neg
A1	hTert	947	SSYARTSIR	SVM	neg	IL-24	71	EAFWAVKDT	neg
A2	hTert	21	VLPLATFVR	SVM	neg	IL-24	73	FWAVKDTMQ	neg
A2	hTert	407	VLLKTHCPL	SVM	neg	IL-24	97	LQNVSDAES	neg
A2	hTert	526	VGCVPAAEH	SVM	neg	IL-24	118	KTVFKNYHN	neg
A2	hTert	543	KFLHWLMSV	SVM	A1	IL-24	116	YLKTVFKNY	PSSM
A2	hTert	546	HWLMSVYVV	SVM	A2	IL-24	32	VLPCLGFTL	PSSM
A2	hTert	601	LSEAEVRQH	SVM	A2	IL-24	112	LLEFYLKTV	PSSM
A2	hTert	720	IPQDRLTEV	SVM	A3	IL-24	60	QVKGVVPQK	PSSM
A2	hTert	766	LTDLQPYMR	SVM	A3	IL-24	170	FLLFRRAFK	PSSM
A2	hTert	813	MCHHAVRIR	SVM	A3	IL-24	194	DILLTWMQK	PSSM
A2	hTert	839	TLLCSLCYG	SVM	A2	IL-24	41	LLWSQVSGA	S+P
A2	hTert	877	LTHAKTFLR	SVM	A2	IL-24	68	KLWEAFWAV	S+P
A2	hTert	922	MPAHGLFPW	SVM	A2	IL-24	139	TLANNFVLI	S+P
A2	hTert	1005	ILLLQAYRF	SVM	A2	IL-24	185	ALTKALGEV	S+P
A2	hTert	1040	ASLCYSILK	SVM	A2	IL-24	189	ALGEVDILL	S+P
A24	hTert	95	NVLAFGFAL	SVM	B7	IL-24	33	LPCLGFTLL	S+P
A24	hTert	111	PPEAFTTSV	SVM	A1	IL-24	128	TVEVRTLKS	SVM
A24	hTert	173	PPLYQLGAA	SVM	A1	IL-24	179	QLDVEAALT	SVM
A24	hTert	413	CPLRAAVTP	SVM	A1	IL-24	190	LGEVDILLT	SVM
A24	hTert	881	KTFLRTLVR	SVM	A24	IL-24	35	CLGFTLLLW	SVM
A24	hTert	1064	PLPSEAVQW	SVM	A24	IL-24	107	YLVHTLLEF	SVM
A24	hTert	1076	QAFLLKLTR	SVM	A24	IL-24	136	SFSTLANNF	SVM
A3	hTert	11	RSLLRSHYR	SVM	A24	IL-24	143	NFVLIVSQL	SVM
A3	hTert	134	SGAWGLLLR	SVM	A3	IL-24	119	TVFKNYHNR	SVM
A3	hTert	177	QLGAATQAR	SVM	neg	LAGE	134	FMSVWDQDR	neg
A3	hTert	214	LGLPAPGAR	SVM	neg	LAGE	41	GGRGPRGAG	neg
A3	hTert	248	RTPVGQGSW	SVM	neg	LAGE	112	DAAPLPRPG	neg
A3	hTert	369	RPWMPGTPR	SVM	neg	LAGE	153	WGLGSASPE	neg
A3	hTert	555	ELLRSFFYV	SVM	neg	LAGE	102	AELVRRILS	neg
A3	hTert	561	FFYVTETTF	SVM	A2	LAGE	86	RLLELHITM	PSSM
A3	hTert	661	LFSVLNYER	SVM	A2	LAGE	115	PLPRPGAVL	PSSM
A3	hTert	688	RAWRTFVLR	SVM	A2	LAGE	167	DLRTPKHKV	PSSM
A3	hTert	812	FMCHHAVRI	SVM	A3	LAGE	103	ELVRRILSR	PSSM
A3	hTert	846	YGDMENKLF	SVM	A3	LAGE	116	LPRPGAVLK	PSSM
A3	hTert	943	QSDYSSYAR	SVM	B7	LAGE	23	IPDGPGGNA	PSSM
A3	hTert	995	QTVCTNIYK	SVM	B7	LAGE	82	RPDSRLLEL	PSSM
A3	hTert	1011	RFHACVLQL	SVM	A2	LAGE	108	ILSRDAAPL	S+P
A3	hTert	1097	RTAQTQLSR	SVM	A3	LAGE	54	SGPRGGAPR	SVM
B7	hTert	135	GAWGLLLRR	SVM	A3	LAGE	132	LLFMSVWDQ	SVM
B7	hTert	284	SLEGALSGT	SVM	neg	MAGE	180	TCLGLSYDG	neg
B7	hTert	552	YVVELLRSF	SVM	neg	MAGE	84	DEGSSNQEE	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	MAGE	85	EGSSNQEEE	neg
neg	MAGE	86	GSSNQEEEG	neg
neg	MAGE	88	SNQEEEGPR	neg
neg	MAGE	92	EEGPRMFPD	neg
neg	MAGE	95	PRMFPDLES	neg
neg	MAGE	117	VHFLLLKYR	neg
neg	MAGE	127	REPVTKAEM	neg
neg	MAGE	252	QENYLEYRQ	neg
neg	MAGE	211	IEGDCAPEE	neg
A1	MAGE	69	SSFSTTINY	PSSM
A1	MAGE	116	LVHFLLLKY	PSSM
A1	MAGE	154	ASEYLQLVF	PSSM
A1	MAGE	293	IGGEPHISY	PSSM
A2	MAGE	108	AISRKMVEL	PSSM
A2	MAGE	153	KASEYLQLV	PSSM
A2	MAGE	278	LIETSYVKV	PSSM
A24	MAGE	238	VFAHPRKLL	PSSM
A3	MAGE	22	ALGLVGAQA	PSSM
A3	MAGE	124	YRAREPVTK	PSSM
B7	MAGE	128	EPVTKAEML	PSSM
B7	MAGE	301	YPPLHERAL	PSSM
A1	MAGE	168	EVVPISHLY	S+P
A1	MAGE	247	MQDLVQENY	S+P
A1	MAGE	250	LVQENYLEY	S+P
A2	MAGE	112	KMVELVHFL	S+P
A2	MAGE	159	QLVFGIEVV	S+P
A2	MAGE	174	HLYILVTCL	S+P
A2	MAGE	176	YILVTCLGL	S+P
A2	MAGE	200	GLLIIVLAI	S+P
A2	MAGE	201	LLIIVLAII	S+P
A2	MAGE	220	KIWEELSML	S+P
A2	MAGE	271	FLWGPRALI	S+P
A2	MAGE	285	KVLHHTLKI	S+P
A24	MAGE	156	EYLQLVFGI	S+P
A3	MAGE	115	ELVHFLLLK	S+P
A3	MAGE	277	ALIETSYVK	S+P
B7	MAGE	170	VPISHLYIL	S+P
A1	MAGE	72	STTINYTLW	SVM
A1	MAGE	166	VVEVVPISH	SVM
A1	MAGE	178	LVTCLGLSY	SVM
A2	MAGE	171	PISHLYILV	SVM
A2	MAGE	202	LIIVLAIIA	SVM
A2	MAGE	203	IIVLAIIAI	SVM
A24	MAGE	97	MFPDLESEF	SVM
A3	MAGE	299	ISYPPLHER	SVM
A3	MAGE	73	TTINYTLWR	SVM
A3	MAGE	226	SMLEVFEGR	SVM
B7	MAGE	196	MPKTGLLII	SVM
neg	MIA	79	RGRLFWGGS	neg

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	MIA	24	GGPMPKLAD	neg
neg	MIA	78	GRGRLFWGG	neg
neg	MIA	83	FWGGSVQGD	neg
A1	MIA	56	APDCRFLTI	PSSM
A1	MIA	94	GDLAARLGY	PSSM
A2	MIA	5	LVCLGVIIL	PSSM
A2	MIA	54	YMAPDCRFL	PSSM
A2	MIA	113	TLKPGKVDV	PSSM
A24	MIA	53	DYMAPDCRF	PSSM
A3	MIA	21	GVRGGPMPK	PSSM
A3	MIA	63	TIHRGQVVY	PSSM
A3	MIA	107	IVREDQTLK	PSSM
B7	MIA	115	KPGKVDVKT	PSSM
A2	MIA	4	SLVCLGVII	S+P
A24	MIA	92	YYGDLAARL	S+P
A3	MIA	69	VVYVFSKLK	S+P
B7	MIA	27	MPKLADRKL	S+P
B7	MIA	43	HPISMAVAL	S+P
A1	MIA	118	KVDVKTDKW	SVM
A2	MIA	13	LLSAFSGPG	SVM
A2	MIA	99	RLGYFPSSI	SVM
A3	MIA	15	SAFSGPGVR	SVM
A3	MIA	101	GYFPSSIVR	SVM
neg	MUC1	789	GSTAPPAHG	neg
neg	MUC1	791	TAPPAHGVT	neg
neg	MUC1	795	AHGVTSAPD	neg
neg	MUC1	399	TSAPDTRPA	neg
neg	MUC1	868	PGSTAPPAH	neg
neg	MUC1	742	PDTRPAPGS	neg
neg	MUC1	756	HGVTSAPDT	neg
A1	MUC1	1057	SLEDPSTDY	PSSM
A1	MUC1	1058	LEDPSTDYY	PSSM
A2	MUC1	950	STAPPVHNV	PSSM
A2	MUC1	1173	LAIVYLIAL	PSSM
A24	MUC1	1065	YYQELQRDI	PSSM
A3	MUC1	117	DVTSAPDNK	PSSM
A3	MUC1	1175	IVYLIALAV	PSSM
A3	MUC1	1177	YLIALAVCQ	PSSM
A3	MUC1	1195	DIFPARDTY	PSSM
B7	MUC1	7	SPFFLLLLL	PSSM
B7	MUC1	1156	VPGWGIALL	PSSM
A1	MUC1	1073	ISEMFLQIY	S+P
A1	MUC1	1116	DVETQFNQY	S+P
A1	MUC1	1169	VLVALAIVY	S+P
A2	MUC1	9	FFLLLLLTV	S+P
A2	MUC1	10	FLLLLLTVL	S+P
A2	MUC1	12	LLLLTVLTV	S+P
A2	MUC1	13	LLLTVLTVV	S+P
A2	MUC1	1044	FLSFHISNL	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	MUC1	1161	IALLVLVCV	S+P
A2	MUC1	1162	ALLVLVCVL	S+P
A2	MUC1	1163	LLVLVCVLV	S+P
A2	MUC1	1165	VLVCVLVAL	S+P
A2	MUC1	1170	LVALAIVYL	S+P
A3	MUC1	97	DVTSVPVTR	S+P
A3	MUC1	972	LVHNGTSAR	S+P
B7	MUC1	1095	RPGSVVVQL	S+P
A1	MUC1	1011	KTDASSTHH	SVM
A1	MUC1	1183	VCQCRRKNY	SVM
A2	MUC1	1155	GVPGWGIAL	SVM
A2	MUC1	1159	WGIALLVLV	SVM
A24	MUC1	93	TWGQDVTSV	SVM
A24	MUC1	1041	SFFFLSFHI	SVM
A24	MUC1	1131	RYNLTISDV	SVM
A24	MUC1	1158	GWGIALLVL	SVM
A3	MUC1	157	GVTSAPDTR	SVM
A3	MUC1	937	GVTSAPDNR	SVM
A3	MUC1	1087	LGLSNIKFR	SVM
A3	MUC1	1100	VVQLTLAFR	SVM
A3	MUC1	1179	IALAVCQCR	SVM
A3	MUC1	1218	YVPPSSTDR	SVM
B7	MUC1	1146	FPFSAQSGA	SVM
neg	NRAGE	446	PNLRPSPNS	neg
neg	NRAGE	448	LRPSPNSRA	neg
neg	NRAGE	451	SPNSRASQN	neg
neg	NRAGE	453	NSRASQNPG	neg
neg	NRAGE	325	ARQTPPAWQ	neg
neg	NRAGE	326	RQTPPAWQN	neg
neg	NRAGE	330	PAWQNPVAW	neg
neg	NRAGE	331	AWQNPVAWQ	neg
neg	NRAGE	332	WQNPVAWQN	neg
neg	NRAGE	467	DVALLQERA	neg
neg	NRAGE	209	QADIETDPG	neg
neg	NRAGE	219	SEPDGATAQ	neg
neg	NRAGE	221	PDGATAQTS	neg
A1	NRAGE	84	TTKGPNGVY	PSSM
A1	NRAGE	118	TSKGPNAAY	PSSM
A1	NRAGE	530	EIDKEEHLY	PSSM
A1	NRAGE	601	GDLRKLLTY	PSSM
A1	NRAGE	611	FVKQKYLDY	PSSM
A2	NRAGE	470	LLQERANKL	PSSM
A2	NRAGE	546	SLAGILGTT	PSSM
A2	NRAGE	598	PLLGDLRKL	PSSM
A3	NRAGE	469	ALLQERANK	PSSM
A3	NRAGE	243	IIRGKRTRK	PSSM
A3	NRAGE	481	YLMLKDYTK	PSSM
A3	NRAGE	580	AVLWEALRK	PSSM
A3	NRAGE	605	KLLTYEFVK	PSSM

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
B7	NRAGE	304	NPSGWQNQT	PSSM
B7	NRAGE	364	GPVVWPNPL	PSSM
B7	NRAGE	490	VPIKRSEML	PSSM
B7	NRAGE	592	RPGVRHPLL	PSSM
B7	NRAGE	658	DPRDWTAQF	PSSM
A1	NRAGE	609	TYEFVKQKY	S+P
A2	NRAGE	26	LLMQTLMEA	S+P
A2	NRAGE	483	LMLKDYTKV	S+P
A2	NRAGE	540	ILISTPESL	S+P
A2	NRAGE	560	KLGLLLVIL	S+P
A2	NRAGE	562	GLLLVILGV	S+P
A2	NRAGE	563	LLLVILGVI	S+P
A2	NRAGE	647	KVLRFIAEV	S+P
A24	NRAGE	505	EYTDVYPEI	S+P
A3	NRAGE	508	DVYPEIIER	S+P
B7	NRAGE	544	TPESLAGIL	S+P
A1	NRAGE	37	ISEAPPTNQ	SVM
A1	NRAGE	221	EPDGATAQT	SVM
A1	NRAGE	361	IVWPGPVVW	SVM
A1	NRAGE	367	VVWPNPLAW	SVM
A1	NRAGE	601	LGDLRKLLT	SVM
A1	NRAGE	710	DIEFELLTW	SVM
A2	NRAGE	11	GLLGFQAEA	SVM
A2	NRAGE	512	EIIERACFV	SVM
A2	NRAGE	567	ILGVIFMNG	SVM
A2	NRAGE	769	FGAIGFFWV	SVM
A24	NRAGE	275	TWRSAPVPV	SVM
A24	NRAGE	295	VLWQTPLAW	SVM
A24	NRAGE	343	VIWPNPVIW	SVM
A24	NRAGE	349	VIWQNPVIW	SVM
A24	NRAGE	355	VIWPNPIVW	SVM
A24	NRAGE	513	IIERACFVL	SVM
A24	NRAGE	524	KFGIQLKEI	SVM
A24	NRAGE	564	LLVILGVIF	SVM
A24	NRAGE	705	PWSWDDIEF	SVM
A24	NRAGE	707	SWDDIEFEL	SVM
A24	NRAGE	723	DFGDPWSRI	SVM
A24	NRAGE	727	PWSRIPFTF	SVM
A24	NRAGE	765	NFAANFGAI	SVM
A24	NRAGE	768	NFGAIGFFW	SVM
A3	NRAGE	134	TTGELAANK	SVM
A3	NRAGE	238	NLESRTIIR	SVM
A3	NRAGE	269	APLAAGTWR	SVM
A3	NRAGE	307	SGWQNQTAR	SVM
A3	NRAGE	608	LTYEFVKQK	SVM
A3	NRAGE	730	RIPFTFWAR	SVM
B7	NRAGE	156	VGPNATYNF	SVM
B7	NRAGE	417	WPLPTDWPL	SVM
B7	NRAGE	747	FPQTFAGPI	SVM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	NRAGE	433	DWPIPPDWQ	neg
neg	NY-ESO	95	PFATPMEAE	neg
neg	NY-ESO	100	MEAELARRS	neg
neg	NY-ESO	112	DAPPLPVPG	neg
A2	NY-ESO	108	SLAQDAPPL	PSSM
A3	NY-ESO	103	ELARRSLAQ	PSSM
A3	NY-ESO	134	TIRLTAADH	PSSM
B7	NY-ESO	60	APRGPHGGA	PSSM
A2	NY-ESO	86	RLLEFYLAM	S+P
A2	NY-ESO	127	TVSGNILTI	S+P
A2	NY-ESO	148	SISSCLQQL	S+P
A2	NY-ESO	161	WITQCFLPV	SVM
A24	NY-ESO	158	LLMWITQCF	SVM
A3	NY-ESO	54	SGPGGGAPR	SVM
A3	NY-ESO	116	LPVPGVLLK	SVM
A3	NY-ESO	171	LAQPPSGQR	SVM
neg	p21	97	TSPALLQGT	neg
neg	p21	44	EARERWNFD	neg
neg	p21	52	DFVTETPLE	neg
neg	p21	99	PALLQGTAE	neg
neg	p21	103	QGTAEEDHV	neg
neg	p21	109	DHVDLSLSC	neg
neg	p21	62	DFAWERVRG	neg
A1	p21	1	MSEPAGDVR	PSSM
A2	p21	37	LMAGCIQEA	PSSM
A2	p21	63	FAWERVRGL	PSSM
A3	p21	36	ALMAGCIQE	PSSM
A3	p21	67	RVRGLGLPK	PSSM
A3	p21	75	KLYLPTGPR	PSSM
B7	p21	81	GPRRGRDEL	PSSM
B7	p21	94	RPGTSPALL	PSSM
A24	p21	68	VRGLGLPKL	S+P
A24	p21	142	RRQTSMTDF	S+P
A1	p21	110	HVDLSLSCT	SVM
A3	p21	38	MAGCIQEAR	SVM
A3	p21	76	LYLPTGPRR	SVM
A3	p21	114	SLSCTLVPR	SVM
B7	p21	57	TPLEGDFAW	SVM
neg	p53	98	PSQKTYQGS	neg
neg	p53	100	QKTYQGSYG	neg
neg	p53	153	PGTRVRAMA	neg
neg	p53	213	RHSVVVPYE	neg
neg	p53	220	YEPPEVGSD	neg
neg	p53	123	TCTYSPALN	neg
neg	p53	128	PALNKMFCQ	neg
neg	p53	239	NSSCMGGMN	neg
neg	p53		MGGMNRRPI	neg
A1	p53	283	RTEEENLRK	PSSM
A2	p53	24	KLLPENNVL	PSSM

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	p53	132	KMFCQLAKT	PSSM
A2	p53	187	GLAPPQHLI	PSSM
A24	p53	18	TFSDLWKLL	PSSM
A24	p53	204	EYLDDRNTF	PSSM
A3	p53	156	RVRAMAIYK	PSSM
A3	p53	297	HELPPGSTK	PSSM
A3	p53	347	ALELKDAQA	PSSM
A3	p53	349	ELKDAQAGK	PSSM
B7	p53	76	APAAPTPAA	PSSM
B7	p53	315	SPQPKKKPL	PSSM
A1	p53	95	SSVPSQKTY	S+P
A1	p53	226	GSDCTTIHY	S+P
A2	p53	129	ALNKMFCQL	S+P
A2	p53	193	HLIRVEGNL	S+P
A2	p53	264	LLGRNSFEV	S+P
A24	p53	106	SYGFRLGFL	S+P
A3	p53	124	CTYSPALNK	S+P
B7	p53	35	LPSQAMDDL	S+P
A24	p53	125	TYSPALNKM	SVM
A3	p53	102	TYQGSYGFR	SVM
A3	p53	188	LAPPQHLIR	SVM
A3	p53	205	YLDDRNTFR	SVM
A3	p53	265	LGRNSFEVR	SVM
B7	p53	46	SPDDIEQWF	SVM
B7	p53	189	APPQHLIRV	SVM
B7	p53	299	LPPGSTKRA	SVM
neg	PHF3	932	RHSLKDILM	neg
neg	PHF3	936	KDILMKRLT	neg
neg	PHF3	884	TCTGEKASK	neg
neg	PHF3	886	TGEKASKPG	neg
neg	PHF3	887	GEKASKPGT	neg
neg	PHF3	889	KASKPGTHE	neg
neg	PHF3	891	SKPGTHEKQ	neg
neg	PHF3	1168	SEFFEEEKQ	neg
neg	PHF3	1169	EFFEEEKQE	neg
neg	PHF3	1173	EEKQESPKS	neg
neg	PHF3	1174	EKQESPKST	neg
neg	PHF3	719	QCGFCKKPH	neg
neg	PHF3	720	CGFCKKPHG	neg
neg	PHF3	721	GFCKKPHGN	neg
neg	PHF3	722	FCKKPHGNR	neg
neg	PHF3	724	KKPHGNRFM	neg
neg	PHF3	726	PHGNRFMVG	neg
neg	PHF3	727	HGNRFMVGC	neg
neg	PHF3	728	GNRFMVGCG	neg
neg	PHF3	729	NRFMVGCGR	neg
neg	PHF3	730	RFMVGCGRC	neg
neg	PHF3	523	VNVKSVKRN	neg
neg	PHF3	525	VKSVKRNTD	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	PHF3	528	VKRNTDVPE	neg	A2	PHF3	1827	SMFGFPPHL	S+P
neg	PHF3	529	KRNTDVPES	neg	A2	PHF3	435	ILENAICDV	S+P
neg	PHF3	530	RNTDVPESQ	neg	A24	PHF3	980	KYRSLMFNL	S+P
neg	PHF3	532	TDVPESQQN	neg	A24	PHF3	1284	SYTLLFAYF	S+P
A1	PHF3	393	RNKIEPLGY	PSSM	A3	PHF3	131	RLMAQEQVR	S+P
A1	PHF3	682	SLDEPPLFI	PSSM	A3	PHF3	308	VVEEMIATR	S+P
A1	PHF3	704	HSSSFESKY	PSSM	A3	PHF3	1004	EVTPDHLIR	S+P
A1	PHF3	1249	ISPQTVWDY	PSSM	A3	PHF3	1287	LLFAYFSSR	S+P
A1	PHF3	1493	VKEIPFLNE	PSSM	A3	PHF3	1680	MLPGLSHNK	S+P
A1	PHF3	1924	YSDSHHLKR	PSSM	B7	PHF3	77	MPCSTVVGL	S+P
A2	PHF3	359	SLVGLPSCV	PSSM	B7	PHF3	443	VPDQNSKQL	S+P
A2	PHF3	362	GLPSCVDEV	PSSM	A1	PHF3	67	VLDSNDPNF	SVM
A2	PHF3	1124	RMAPPVDDL	PSSM	A1	PHF3	531	NTDVPESQQ	SVM
A2	PHF3	1131	DLSPKKVKV	PSSM	A1	PHF3	1062	ESDAPMKEQ	SVM
A2	PHF3	1154	SIADALSST	PSSM	A1	PHF3	1266	TKEICVVRF	SVM
A2	PHF3	1158	ALSSTSNIL	PSSM	A1	PHF3	1399	FNSFTTVLH	SVM
A2	PHF3	1416	NLQEDLPTA	PSSM	A1	PHF3	1424	AVEPLMEVT	SVM
A2	PHF3	1559	SLRGKPPDV	PSSM	A1	PHF3	243	PGEIDVPSH	SVM
A24	PHF3	976	KYKNKYRSL	PSSM	A2	PHF3	584	TLVQIFKPL	SVM
A24	PHF3	1200	TFLARLNFI	PSSM	A2	PHF3	741	WFHGDCVGL	SVM
A3	PHF3	44	SLKNMLSDK	PSSM	A2	PHF3	1207	FIWKGFINM	SVM
A3	PHF3	87	DIMDEGVVK	PSSM	A2	PHF3	1214	NMPSVAKFV	SVM
A3	PHF3	450	QLNAIESTK	PSSM	A2	PHF3	1220	KFVTKAYPV	SVM
A3	PHF3	546	KVRKKQIDK	PSSM	A2	PHF3	1479	QVYDQAQSV	SVM
A3	PHF3	660	KLKLKKPEK	PSSM	A24	PHF3	588	IFKPLTHSL	SVM
A3	PHF3	949	KVPEEKAAK	PSSM	A24	PHF3	961	KIEKELFSF	SVM
A3	PHF3	1044	EVERRPITK	PSSM	A24	PHF3	1201	FLARLNFIW	SVM
A3	PHF3	1138	KVVVGVARK	PSSM	A24	PHF3	1297	RYGVAANNM	SVM
A3	PHF3	1312	YLIPLGATD	PSSM	A24	PHF3	1397	DFFNSFTTV	SVM
A3	PHF3	1344	GLIIRQKLK	PSSM	A24	PHF3	1398	FFNSFTTVL	SVM
A3	PHF3	1486	SVMEQNTVK	PSSM	A24	PHF3	1442	FLPGVLIGW	SVM
B7	PHF3	1186	APRPEMPGT	PSSM	A24	PHF3	1774	EFPSKSITF	SVM
B7	PHF3	1462	KPLPVDDIL	PSSM	A3	PHF3	463	ETANLQDDR	SVM
A1	PHF3	322	SKETVKLSH	S+P	A3	PHF3	859	MGQPVLPRR	SVM
A1	PHF3	779	ILDPDTLEN	S+P	A3	PHF3	1019	ASKELAAWR	SVM
A1	PHF3	810	HTTNDRTKY	S+P	A3	PHF3	1196	EVESTFLAR	SVM
A1	PHF3	1277	VTEEDQISY	S+P	A3	PHF3	1202	LARLNFIWK	SVM
A1	PHF3	2017	EGEKDRDRY	S+P	A3	PHF3	1313	LIPLGATDK	SVM
A2	PHF3	48	MLSDKDPML	S+P	A3	PHF3	1340	NLLLGLIIR	SVM
A2	PHF3	257	LLSETCVTI	S+P	A3	PHF3	1400	NSFTTVLHK	SVM
A2	PHF3	557	KIQSCNSGV	S+P	A3	PHF3	1609	QTSNSSPCR	SVM
A2	PHF3	689	FIPDNIATI	S+P	A3	PHF3	1747	NIETVHPFR	SVM
A2	PHF3	875	KIPKESTTV	S+P	B7	PHF3	1823	FPPQSMFGF	SVM
A2	PHF3	942	RLTDSNLKV	S+P	neg	PLST	192	ENLNLALNS	neg
A2	PHF3	1112	HLFDLNCKI	S+P	neg	PLST	282	GWQKINNFS	neg
A2	PHF3	1458	ELANKPLPV	S+P	neg	PLST	284	QKINNFSAD	neg
A2	PHF3	1472	SLLGTTGQV	S+P	neg	PLST	287	NNFSADIKD	neg
A2	PHF3	1717	KVAQNSPSV	S+P	neg	PLST	288	NFSADIKDS	neg
A2	PHF3	1743	ILMQNIETV	S+P	neg	PLST	346	CRQFVTPAD	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	PLST	349	FVTPADVVS	neg	neg	PSA	155	SGWGSIEPE	neg
neg	PLST	205	GCHVVNIGA	neg	neg	PSA	76	GRHSLFHPE	neg
A1	PLST	110	SSEGTQHSY	PSSM	neg	PSA	77	RHSLFHPED	neg
A1	PLST	558	AIQPGCINY	PSSM	A1	PSA	126	LSEPAELTD	PSSM
A2	PLST	101	CALGGTSEL	PSSM	A1	PSA	230	GSEPCALPE	PSSM
A2	PLST	250	ALLRDGETL	PSSM	A2	PSA	53	VLVHPQWVL	PSSM
A2	PLST	482	DLNDGNQTL	PSSM	A2	PSA	66	CIRNKSVIL	PSSM
A24	PLST	416	LYADLQDAL	PSSM	A2	PSA	72	VILLGRHSL	PSSM
A3	PLST	74	FVYIFQEVK	PSSM	A2	PSA	140	DLPTQEPAL	PSSM
A3	PLST	174	TIDERAINK	PSSM	A2	PSA	166	LTPKKLQCV	PSSM
A3	PLST	277	HLENSGWQK	PSSM	A2	PSA	234	CALPERPSL	PSSM
A3	PLST	301	HLLNQIAPK	PSSM	A3	PSA	48	AVCGGVLVH	PSSM
A3	PLST	436	PVDWSKVNK	PSSM	A3	PSA	99	PLYDMSLLK	PSSM
B7	PLST	186	TPFIIQENL	PSSM	A3	PSA	186	QVHPQKVTK	PSSM
B7	PLST	220	KPHLVLGLL	PSSM	B7	PSA	239	RPSLYTKVV	PSSM
B7	PLST	560	QPGCINYDL	PSSM	A2	PSA	170	KLQCVDLHV	S+P
A2	PLST	188	FIIQENLNL	S+P	A24	PSA	152	CYASGWGSI	S+P
A2	PLST	203	AIGCHVVNI	S+P	A1	PSA	100	LYDMSLLKN	SVM
A2	PLST	223	LVLGLLWQI	S+P	A1	PSA	143	TQEPALGTT	SVM
A2	PLST	226	GLLWQIIKI	S+P	A2	PSA	2	WVPVVFLTL	SVM
A2	PLST	263	KLSPEELLL	S+P	A2	PSA	4	PVVFLTLSV	SVM
A2	PLST	369	NLFNKYPAL	S+P	A2	PSA	7	FLTLSVTWI	SVM
A2	PLST	419	DLQDALVIL	S+P	A2	PSA	14	WIGAAPLIL	SVM
A2	PLST	490	LTLALVWQL	S+P	A2	PSA	20	LILSRIVGG	SVM
A2	PLST	545	TISSSLAVV	S+P	A2	PSA	59	WVLTAAHCI	SVM
A2	PLST	551	AVVDLIDAI	S+P	A2	PSA	222	VLQGITSWG	SVM
A2	PLST	592	RIGARVYAL	S+P	A24	PSA	1	MWVPVVFLT	SVM
A2	PLST	599	ALPEDLVEV	S+P	A24	PSA	6	VFLTLSVTW	SVM
A24	PLST	298	AYFHLLNQI	S+P	A24	PSA	13	TWIGAAPLI	SVM
A3	PLST	618	CLMGRGMKR	S+P	A24	PSA	21	ILSRIVGGW	SVM
A1	PLST	20	KVDLNSNGF	SVM	A24	PSA	73	ILLGRHSLF	SVM
A1	PLST	68	KISFDEFVY	SVM	A3	PSA	39	QVLVASRGR	SVM
A2	PLST	161	IVLCKMINL	SVM	A3	PSA	60	VLTAAHCIR	SVM
A2	PLST	230	QIIKIGLFA	SVM	A3	PSA	242	LYTKVVHYR	SVM
A2	PLST	611	MVMTVFACL	SVM	neg	RasH	118	CDLAARTVE	neg
A24	PLST	70	SFDEFVYIF	SVM	neg	RasH	121	AARTVESRQ	neg
A24	PLST	73	EFVYIFQEV	SVM	neg	RasH	86	NTKSFEDIH	neg
A24	PLST	268	ELLLRWANF	SVM	neg	RasH	91	EDIHQYREQ	neg
A24	PLST	446	PYPKLGANM	SVM	neg	RasH	87	TKSFEDIHQ	neg
A3	PLST	43	MPLPGYKVR	SVM	neg	RasH	115	GNKCDLAAR	neg
A3	PLST	88	KTFRKAINR	SVM	neg	RasH	98	EQIKRVKDS	neg
A3	PLST	170	SVPDTIDER	SVM	A1	RasH	133	LARSYGIPY	PSSM
A3	PLST	264	LSPEELLLR	SVM	A2	RasH	44	VVIDGETCL	PSSM
A3	PLST	424	LVILQLYER	SVM	A2	RasH	45	VIDGETCLL	PSSM
A3	PLST	614	TVFACLMGR	SVM	A2	RasH	51	CLLDILDTA	PSSM
B7	PLST	265	SPEELLLRW	SVM	A2	RasH	71	YMRTGEGFL	PSSM
neg	PSA	164	EFLTPKKLQ	neg	A2	RasH	112	VLVGNKCDL	PSSM
neg	PSA	169	KKLQCVDLH	neg	A24	RasH	70	QYMRTGEGF	PSSM
neg	PSA	150	TTCYASGWG	neg	A3	RasH	5	KLVVVGAGG	PSSM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A3	RasH	7	VVVGAGGVG	PSSM	A3	Rb	86	GVLGGYIQK	PSSM
A3	RasH	13	GVGKSALTI	PSSM	A3	Rb	228	KLSPPMLLK	PSSM
A3	RasH	43	QVVIDGETC	PSSM	A3	Rb	467	RLSIQNFSK	PSSM
A3	RasH	139	IPYIETSAK	PSSM	A3	Rb	606	YLSPVRSPK	PSSM
A3	RasH	158	TLVREIRQH	PSSM	A3	Rb	900	KLAEMTSTR	PSSM
A3	RasH	159	LVREIRQHK	PSSM	B7	Rb	297	IPFMNSLGL	PSSM
A3	RasH	162	EIRQHKLRK	PSSM	B7	Rb	811	SPYKISEGL	PSSM
A3	RasH	8	VVGAGGVGK	S+P	A1	Rb	284	NIDEVKNVY	S+P
A3	RasH	80	CVFAINNTK	S+P	A1	Rb	313	EVENLSKRY	S+P
A1	RasH	63	EYSAMRDQY	SVM	A1	Rb	438	CVEIGSQRY	S+P
A1	RasH	74	TGEGFLCVF	SVM	A1	Rb	763	RLKTNILQY	S+P
A2	RasH	6	LVVVGAGGV	SVM	A2	Rb	100	GICIFIAAV	S+P
A3	RasH	89	SFEDIHQYR	SVM	A2	Rb	157	VLFALFSKL	S+P
A3	RasH	141	YIETSAKTR	SVM	A2	Rb	173	YLTQPSSSI	S+P
neg	Rb	293	FKNFIPFMN	neg	A2	Rb	188	ALVLKVSWI	S+P
neg	Rb	294	KNFIPFMNS	neg	A2	Rb	212	LVISFQLML	S+P
neg	Rb	495	MATYSRSTS	neg	A2	Rb	221	CVLDYFIKL	S+P
neg	Rb	508	SGTDLSFPW	neg	A2	Rb	483	HMSLLACAL	S+P
neg	Rb	286	DEVKNVYFK	neg	A2	Rb	485	SLLACALEV	S+P
neg	Rb	312	PEVENLSKR	neg	A2	Rb	556	RIMESLAWL	S+P
neg	Rb	315	ENLSKRYEE	neg	A2	Rb	703	IMMCSMYGI	S+P
neg	Rb	317	LSKRYEEIY	neg	A2	Rb	751	SIIVFYNSV	S+P
neg	Rb	322	EEIYLKNKD	neg	A2	Rb	798	RIPGGNIYI	S+P
neg	Rb	326	LKNKDLDAR	neg	A24	Rb	238	PYKTAVIPI	S+P
neg	Rb	267	LENDTRIIE	neg	A24	Rb	291	VYFKNFIPF	S+P
neg	Rb	372	HTPVRTVMN	neg	A24	Rb	527	DFYKVIESF	S+P
neg	Rb	382	IQQLMMILN	neg	A24	Rb	791	KFPSSPLRI	S+P
neg	Rb	383	QQLMMILNS	neg	A3	Rb	648	SLFYKKVYR	S+P
neg	Rb	600	HTAADMYLS	neg	A3	Rb	653	KVYRLAYLR	S+P
neg	Rb	670	LSEHPELEH	neg	A3	Rb	767	NILQYASTR	S+P
neg	Rb	674	PELEHIIWT	neg	A1	Rb	123	NIEISVHKF	SVM
neg	Rb	681	WTLFQHTLQ	neg	A1	Rb	901	LAEMTSTRT	SVM
neg	Rb	511	DLSFPWILN	neg	A2	Rb	97	ELWGICIFI	SVM
neg	Rb	550	LERCEHRIM	neg	A2	Rb	195	WITFLLAKG	SVM
neg	Rb	551	ERCEHRIME	neg	A2	Rb	377	TVMNTIQQL	SVM
neg	Rb	552	RCEHRIMES	neg	A2	Rb	381	TIQQLMMIL	SVM
neg	Rb	554	EHRIMESLA	neg	A2	Rb	486	LLACALEVV	SVM
A1	Rb	83	SVDGVLGGY	PSSM	A2	Rb	641	PLKSTSLSL	SVM
A1	Rb	490	ALEVVMATY	PSSM	A24	Rb	98	LWGICIFIA	SVM
A2	Rb	76	LTWEKVSSV	PSSM	A24	Rb	130	KFFNLLKEI	SVM
A2	Rb	198	FLLAKGEVL	PSSM	A24	Rb	225	YFIKLSPPM	SVM
A2	Rb	306	VTSNGLPEV	PSSM	A24	Rb	292	YFKNFIPFM	SVM
A2	Rb	361	NLDEEVNVI	PSSM	A24	Rb	295	NFIPFMNSL	SVM
A2	Rb	668	RLLSEHPEL	PSSM	A24	Rb	298	PFMNSLGLV	SVM
A24	Rb	90	GYIQKKKEL	PSSM	A24	Rb	452	LYYRVMESM	SVM
A24	Rb	154	KYDVLFALF	PSSM	A24	Rb	513	SFPWILNVL	SVM
A24	Rb	335	LFLDHDKTL	PSSM	A24	Rb	515	PWILNVLNL	SVM
A24	Rb	528	FYKVIESFI	PSSM	A24	Rb	680	IWTLFQHTL	SVM
A24	Rb	654	VYRLAYLRL	PSSM	A24	Rb	752	IIVFYNSVF	SVM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A24	Rb	784	HIPRSPYKF	SVM
A3	Rb	65	KIPDHVRER	SVM
A3	Rb	251	RTPRRGQNR	SVM
A3	Rb	368	VIPPHTPVR	SVM
A3	Rb	492	EVVMATYSR	SVM
A3	Rb	644	STSLSLFYK	SVM
A3	Rb	755	FYNSVFMQR	SVM
A3	Rb	779	LSPIPHIPR	SVM
neg	survivin	87	LSVKKQFEE	neg
neg	survivin	91	KQFEELTLG	neg
neg	survivin	60	CFKELEGWE	neg
neg	survivin	64	LEGWEPDDD	neg
neg	survivin	67	WEPDDDPIE	neg
neg	survivin	71	DDPIEEHKK	neg
neg	survivin	75	EEHKKHSSG	neg
neg	survivin	40	EAGFIHCPT	neg
neg	survivin		GFIHCPTEN	neg
neg	survivin	80	HSSGCAFLS	neg
neg	survivin	84	CAFLSVKKQ	neg
A2	Survivin	96	LTLGEFLKL	PSSM
A3	Survivin	95	ELTLGEFLK	PSSM
A3	Survivin	112	KIAKETNNK	PSSM
A3	Survivin	130	KVRRAIEQL	PSSM
B7	Survivin	46	CPTENEPDL	PSSM
neg	SV40	418	KKRYWLFKG	neg
neg	SV40	534	PKTLQARFV	neg
neg	SV40	535	KTLQARFVK	neg
neg	SV40	538	QARFVKQID	neg
neg	SV40	202	RHRVSAINN	neg
neg	SV40	205	VSAINNYAQ	neg
neg	SV40	198	LTPHRHRVS	neg
neg	SV40	201	HRHRVSAIN	neg
neg	SV40	378	STGSADIEE	neg
neg	SV40	380	GSADIEEWM	neg
neg	SV40	382	ADIEEWMAG	neg
neg	SV40	384	IEEWMAGVA	neg
neg	SV40	385	EEWMAGVAW	neg
A1	SV40	164	TKEKAALLY	PSSM
A1	SV40	604	DKEFSLSVY	PSSM
A2	SV40	142	LLSFLSHAV	PSSM
A2	SV40	207	AINNYAQKL	PSSM
A2	SV40	285	VLLLLGMYL	PSSM
A24	SV40	33	AYLKKCKEF	PSSM
A24	SV40	420	RYWLFKGPI	PSSM
A3	SV40	28	PLMRKAYLK	PSSM
A3	SV40	170	LLYKKIMEK	PSSM
A3	SV40	220	FLICKGVNK	PSSM
A3	SV40	340	AVDTVLAKK	PSSM
A3	SV40	438	ALLELCGGK	PSSM

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A3	SV40	468	FLVVFEDVK	PSSM
A3	SV40	498	RDYLDGSVK	PSSM
A3	SV40	508	NLEKKHLNK	PSSM
B7	SV40	27	IPLMRKAYL	PSSM
B7	SV40	134	DPKDFPSEL	PSSM
A1	SV40	544	QIDFRAKDY	S+P
A2	SV40	214	KLCTFSFLI	S+P
A2	SV40	360	MLTNRFNDL	S+P
A2	SV40	393	WLHCLLPKM	S+P
A2	SV40	396	CLLPKMDSV	S+P
A2	SV40	408	FLKCMVYNI	S+P
A2	SV40	434	TLAAALLEL	S+P
A2	SV40	567	RIIQSGIAL	S+P
A2	SV40	568	IIQSGIALL	S+P
A2	SV40	572	GIALLLMLI	S+P
A24	SV40	189	SYNHNILFF	S+P
A24	SV40	210	NYAQKLCTF	S+P
A24	SV40	291	MYLEFQYSF	S+P
A3	SV40	230	YLMYSALTR	S+P
A3	SV40	349	RVDSLQLTR	S+P
A3	SV40	412	MVYNIPKKR	S+P
B7	SV40	138	FPSELLSFL	S+P
A1	SV40	154	RTLACFAIY	SVM
A1	SV40	413	VYNIPKKRY	SVM
A1	SV40	528	MNEFSVPKT	SVM
A2	SV40	463	VAIDQFLVV	SVM
A24	SV40	90	EWEQWWNAF	SVM
A24	SV40	137	DFPSELLSF	SVM
A24	SV40	175	IMEKYSVTF	SVM
A24	SV40	368	LLDRMDIMF	SVM
A24	SV40	580	IWYRPVAEF	SVM
A24	SV40	611	VYQKMKFNV	SVM
A3	SV40	13	LMDLLGLER	SVM
A3	SV40	146	LSHAVFSNR	SVM
A3	SV40	194	ILFFLTPHR	SVM
A3	SV40	216	CTFSFLICK	SVM
A3	SV40	339	QAVDTVLAK	SVM
A3	SV40	532	SVPKTLQAR	SVM
A3	SV40	575	LLLMLIWYR	SVM
A3	SV40	622	GIGVLDWLR	SVM
B7	SV40	416	IPKKRYWLF	SVM
B7	SV40	533	VPKTLQARF	SVM
neg	TRP-1	219	AFLTWHRYH	neg
neg	TRP-1	222	TWHRYHLLR	neg
neg	TRP-1	226	YHLLRLEKD	neg
neg	TRP-1	187	YFVWTHYYS	neg
neg	TRP-1	224	HRYHLLRLE	neg
neg	TRP-1	227	HLLRLEKDM	neg
neg	TRP-1	229	LRLEKDMQE	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	TRP-1	233	KDMQEMLQE	neg
neg	TRP-1	191	THYYSVKKT	neg
A1	TRP-1	410	VFDEWLRRY	PSSM
A1	TRP-1	454	VTAPDNLGY	PSSM
A1	TRP-1	456	APDNLGYTY	PSSM
A2	TRP-1	126	VLIVRRNLL	PSSM
A2	TRP-1	478	IIAIAVVGA	PSSM
A2	TRP-1	479	IAIAVVGAL	PSSM
A2	TRP-1	480	AIAVVGALL	PSSM
A24	TRP-1	192	HYYSVKKTF	PSSM
A24	TRP-1	193	YYSVKKTFL	PSSM
A24	TRP-1	368	KYDPAVRSL	PSSM
A24	TRP-1	521	CYAEEYEKL	PSSM
A3	TRP-1	144	FVRALDMAK	PSSM
A3	TRP-1	486	ALLLVALIF	PSSM
A3	TRP-1	491	ALIFGTASY	PSSM
B7	TRP-1	329	EPQDVAQCL	PSSM
A2	TRP-1	8	SLGCIFFPL	S+P
A2	TRP-1	181	NISIYNYFV	S+P
A2	TRP-1	238	MLQEPSFSL	S+P
A2	TRP-1	402	LLHTFTDAV	S+P
A2	TRP-1	482	AVVGALLLV	S+P
A2	TRP-1	488	LLVALIFGT	S+P
A2	TRP-1	492	LIFGTASYL	S+P
A2	TRP-1	528	KLQNPNQSV	S+P
A24	TRP-1	347	FYSNSTNSF	S+P
A24	TRP-1	417	RYNADISTF	S+P
A3	TRP-1	47	PVSGPGTDR	S+P
B7	TRP-1	394	SPNDPIFVL	S+P
A1	TRP-1	147	ALDMAKRTT	SVM
A1	TRP-1	171	GPDGNTPQF	SVM
A2	TRP-1	188	FVWTHYYSV	SVM
A2	TRP-1	483	VVGALLLVA	SVM
A2	TRP-1	487	LLLVALIFG	SVM
A2	TRP-1	489	LVALIFGTA	SVM
A24	TRP-1	11	CIFFPLLLF	SVM
A3	TRP-1	106	SGHNCGTCR	SVM
A3	TRP-1	305	STEDGPIRR	SVM
A3	TRP-1	494	FGTASYLIR	SVM
B7	TRP-1	90	WPLRFFNRT	SVM
B7	TRP-1	475	VPEIIAIAV	SVM
neg	TRP-2	303	YEGLLRRNQ	neg
neg	TRP-2	304	EGLLRRNQM	neg
neg	TRP-2	307	LRRNQMGRN	neg
neg	TRP-2	331	LQKFDNPPF	neg
neg	TRP-2	338	PFFQNSTFS	neg
neg	TRP-2	341	QNSTFSFRN	neg
neg	TRP-2	344	TFSFRNALE	neg
neg	TRP-2	361	LDSQVMSLH	neg

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	TRP-2	362	DSQVMSLHN	neg
neg	TRP-2	366	MSLHNLVHS	neg
neg	TRP-2	90	FFHRTCKCT	neg
neg	TRP-2	92	HRTCKCTGN	neg
neg	TRP-2	94	TCKCTGNFA	neg
neg	TRP-2	95	CKCTGNFAG	neg
neg	TRP-2	147	LAKKRVHPD	neg
A1	TRP-2	67	DTRPWSGPY	PSSM
A1	TRP-2	236	GNESFALPY	PSSM
A1	TRP-2	398	FTDAIFDEW	PSSM
A1	TRP-2	445	FLTSDQLGY	PSSM
A1	TRP-2	447	TSDQLGYSY	PSSM
A2	TRP-2	125	VIRQNIHSL	PSSM
A2	TRP-2	223	HLLCLERDL	PSSM
A2	TRP-2	226	CLERDLQRL	PSSM
A2	TRP-2	288	SLDDYNHLV	PSSM
A2	TRP-2	386	AANDPIFVV	PSSM
A2	TRP-2	478	GTLVALVGL	PSSM
A2	TRP-2	481	VALVGLFVL	PSSM
A24	TRP-2	103	GYNCGDCKF	PSSM
A24	TRP-2	189	HYYSVRDTL	PSSM
A24	TRP-2	190	YYSVRDTLL	PSSM
A3	TRP-2	8	FLLSCLGCK	PSSM
A3	TRP-2	17	ILPGAQGQF	PSSM
A3	TRP-2	141	FLGALDLAK	PSSM
A3	TRP-2	196	TLLGPGRPY	PSSM
A3	TRP-2	233	RLIGNESFA	PSSM
A3	TRP-2	492	FLQYRRLRK	PSSM
B7	TRP-2	69	RPWSGPYIL	PSSM
B7	TRP-2	134	SPQEREQFL	PSSM
B7	TRP-2	199	GPGRPYRAI	PSSM
B7	TRP-2	466	TPGWPTTLL	PSSM
A1	TRP-2	181	VYDFFVWLH	S+P
A1	TRP-2	487	FVLLAFLQY	S+P
A1	TRP-2	507	ETHLSSKRY	S+P
A2	TRP-2	9	LLSCLGCKI	S+P
A2	TRP-2	180	SVYDFFVWL	S+P
A2	TRP-2	234	LIGNESFAL	S+P
A2	TRP-2	360	TLDSQVMSL	S+P
A2	TRP-2	394	VLHSFTDAI	S+P
A2	TRP-2	455	YAIDLPVSV	S+P
A2	TRP-2	472	TLLVVMGTL	S+P
A2	TRP-2	473	LLVVMGTLV	S+P
A2	TRP-2	475	VVMGTLVAL	S+P
A2	TRP-2	476	VMGTLVALV	S+P
A2	TRP-2	482	ALVGLFVLL	S+P
A2	TRP-2	485	GLFVLLAFL	S+P
A3	TRP-2	197	LLGPGRPYR	S+P
B7	TRP-2	2	SPLWWGFLL	S+P

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	TRP-2	12	CLGCKILPG	SVM	A3	TSGA10	286	SLGESLAMK	PSSM
A2	TRP-2	43	RLGAESANV	SVM	A3	TSGA10	469	HLNAERSYK	PSSM
A2	TRP-2	163	WLGLLGPNG	SVM	A3	TSGA10	504	ALADLSSTR	PSSM
A2	TRP-2	185	FVWLHYYSV	SVM	A3	TSGA10	524	LLNRQLVAK	PSSM
A2	TRP-2	483	LVGLFVLLA	SVM	A3	TSGA10	569	ALLVANRDK	PSSM
A24	TRP-2	4	LWWGFLLSC	SVM	B7	TSGA10	8	SPRRPSPTA	PSSM
A24	TRP-2	5	WWGFLLSCL	SVM	B7	TSGA10	11	RPSPTARGA	PSSM
A24	TRP-2	24	QFPRVCMTV	SVM	A1	TSGA10	60	ERDKIFLLY	S+P
A24	TRP-2	155	DYVITTQHW	SVM	A1	TSGA10	645	VQELRRQNY	S+P
A24	TRP-2	239	SFALPYWNF	SVM	A2	TSGA10	46	HLAEIQGNV	S+P
A24	TRP-2	339	FFQNSTFSF	SVM	A2	TSGA10	167	LMKETISTV	S+P
A24	TRP-2	402	IFDEWMKRF	SVM	A2	TSGA10	258	ILGGTLNDL	S+P
A24	TRP-2	416	AWPQELAPI	SVM	A2	TSGA10	283	NIASLGESL	S+P
A24	TRP-2	468	GWPTTLLVV	SVM	A1	TSGA10	20	NCDVELLKT	SVM
A3	TRP-2	30	MTVDSLVNK	SVM	A1	TSGA10	109	FTDLRRMTT	SVM
A3	TRP-2	85	LWPRKFFHR	SVM	A1	TSGA10	144	IEELECTVH	SVM
A3	TRP-2	300	NGTYEGLLR	SVM	A1	TSGA10	209	NTEKDLSDT	SVM
A3	TRP-2	301	GTYEGLLRR	SVM	A1	TSGA10	622	QLEADLDIT	SVM
A3	TRP-2	401	AIFDEWMKR	SVM	A2	TSGA10	297	TISGMKNII	SVM
A3	TRP-2	420	ELAPIGHNR	SVM	A2	TSGA10	594	LLKEHLCLA	SVM
A3	TRP-2	488	VLLAFLQYR	SVM	A3	TSGA10	25	LLKTTTRDR	SVM
B7	TRP-2	469	WPTTLLVVM	SVM	A3	TSGA10	91	STTAHAILR	SVM
neg	TSGA10	372	SKKLNDTHN	neg	A3	TSGA10	150	TVHNLDDER	SVM
neg	TSGA10	383	NDIKQKVQD	neg	A3	TSGA10	339	ELAQIARER	SVM
neg	TSGA10	358	QEQFAKAKQ	neg	A3	TSGA10	609	QSRDVAQFR	SVM
neg	TSGA10	359	EQFAKAKQE	neg	A3	TSGA10	688	SLEENLCYR	SVM
neg	TSGA10	360	QFAKAKQEN	neg	neg	TYRO	103	CKFGFWGPN	neg
neg	TSGA10	403	LKSEESENR	neg	neg	TYRO	105	FGFWGPNCT	neg
neg	TSGA10	406	EESENRQMM	neg	neg	TYRO	107	FWGPNCTER	neg
neg	TSGA10	410	NRQMMEQLR	neg	neg	TYRO	114	ERRLLVRRN	neg
neg	TSGA10	277	LDKKSENIA	neg	neg	TYRO	279	LEEYNSHQS	neg
neg	TSGA10	278	DKKSENIAS	neg	neg	TYRO	282	YNSHQSLCN	neg
neg	TSGA10	326	VSRMRRQLD	neg	neg	TYRO	283	NSHQSLCNG	neg
neg	TSGA10	327	SRMRRQLDE	neg	neg	TYRO	286	QSLCNGTPE	neg
neg	TSGA10	330	RRQLDETND	neg	neg	TYRO	297	LRRNPGNHD	neg
A1	TSGA10	116	TTERDSLRE	PSSM	neg	TYRO	301	PGNHDKSRT	neg
A1	TSGA10	199	ENNSLRLLY	PSSM	neg	TYRO	333	DKAANFSFR	neg
A1	TSGA10	449	EAEGNRLKE	PSSM	neg	TYRO	334	KAANFSFRN	neg
A1	TSGA10	547	HSEIELLRS	PSSM	neg	TYRO	335	AANFSFRNT	neg
A1	TSGA10	589	ESEIQLLKE	PSSM	neg	TYRO	341	RNTLEGFAS	neg
A1	TSGA10	687	RSLEENLCY	PSSM	neg	TYRO		NHDKSRTPR	neg
A2	TSGA10	454	RLKEKVDSL	PSSM	neg	TYRO	345	EGFASPLTG	neg
A2	TSGA10	220	HLAKKKYEL	PSSM	neg	TYRO	351	LTGIADASQ	neg
A24	TSGA10	42	KYERHLAEI	PSSM	neg	TYRO	356	DASQSSMHN	neg
A24	TSGA10	67	LYEQAQEEI	PSSM	A1	TYRO	227	GDENFTIPY	PSSM
A24	TSGA10	206	LYENTEKDL	PSSM	A1	TYRO	381	ANDPIFLLH	PSSM
A24	TSGA10	475	SYKSQISTL	PSSM	A1	TYRO	517	EKEDYHSLY	PSSM
A3	TSGA10	55	KVLKSERDK	PSSM	A2	TYRO	137	YLTLAKHTI	PSSM
A3	TSGA10	204	RLLYENTEK	PSSM	A2	TYRO	207	FLPWHRLFL	PSSM

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus	HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
A2	TYRO	214	FLLRWEQEI	PSSM	A3	TYRO	112	CTERRLLVR	SVM
A2	TYRO	380	SANDPIFLL	PSSM	A3	TYRO	188	LLGGSEIWR	SVM
A2	TYRO	482	AMVGAVLTA	PSSM	A3	TYRO	204	APAFLPWHR	SVM
A2	TYRO	506	QLPEEKQPL	PSSM	A3	TYRO	231	FTIPYWDWR	SVM
A24	TYRO	180	HYYVSMDAL	PSSM	A3	TYRO	270	SSWQIVCSR	SVM
A24	TYRO	181	YYVSMDALL	PSSM	A3	TYRO	291	GTPEGPLRR	SVM
A24	TYRO	206	AFLPWHRLF	PSSM	A3	TYRO	395	SIFEQWLRR	SVM
A24	TYRO	432	LYRNGDFFI	PSSM	A3	TYRO	426	MVPFIPLYR	SVM
A3	TYRO	48	QLSGRGSCQ	PSSM	A3	TYRO	493	AGLVSLLCR	SVM
A3	TYRO	116	RLLVRRNIF	PSSM	B7	TYRO	80	WPSVFYNRT	SVM
A3	TYRO	125	DLSAPEKDK	PSSM	B7	TYRO	264	SPASFFSSW	SVM
A3	TYRO	152	PIGTYGQMK	PSSM	neg	WT1	250	VAAGSSSSV	neg
A3	TYRO	261	NLLSPASFF	PSSM	neg	WT1	258	VKWTEGQSN	neg
A3	TYRO	296	PLRRNPGNH	PSSM	neg	WT1	264	QSNHSTGYE	neg
A3	TYRO	431	PLYRNGDFF	PSSM	neg	WT1	267	HSTGYESDN	neg
A3	TYRO	497	SLLCRHKRK	PSSM	neg	WT1	261	TEGQSNHST	neg
B7	TYRO	66	GPQFPFTGV	PSSM	neg	WT1	262	EGQSNHSTG	neg
B7	TYRO	507	LPEEKQPLL	PSSM	neg	WT1	233	LECMTWNQM	neg
A2	TYRO	1	MLLAVLYCL	S+P	neg	WT1	234	ECMTWNQMN	neg
A2	TYRO	2	LLAVLYCLL	S+P	neg	WT1	179	EDPMGQQGS	neg
A2	TYRO	9	LLWSFQTSA	S+P	neg	WT1	183	GQQGSLGEQ	neg
A2	TYRO	57	NILLSNAPL	S+P	neg	WT1	186	GSLGEQQYS	neg
A2	TYRO	343	TLEGFASPL	S+P	A1	WT1	2	GSDVRDLNA	PSSM
A2	TYRO	369	YMNGTMSQV	S+P	A1	WT1	152	VTFDGTPSY	PSSM
A2	TYRO	487	VLTALLAGL	S+P	A2	WT1	187	SLGEQQYSV	PSSM
A2	TYRO	490	ALLAGLVSL	S+P	A2	WT1	280	ILCGAQYRI	PSSM
A2	TYRO	491	LLAGLVSLL	S+P	A3	WT1	299	DVRRVPGVA	PSSM
A24	TYRO	410	VYPEANAPI	S+P	A3	WT1	373	HQRRHTGVK	PSSM
A24	TYRO	424	SYMVPFIPL	S+P	B7	WT1	180	DPMGQQGSL	PSSM
A24	TYRO	466	SYLEQASRI	S+P	A2	WT1	7	DLNALLPAV	S+P
B7	TYRO	63	APLGPQFPF	S+P	A2	WT1	10	ALLPAVPSL	S+P
B7	TYRO	208	LPWHRLFLL	S+P	A2	WT1	225	NLYQMTSQL	S+P
B7	TYRO	312	LPSSADVEF	S+P	A2	WT1	242	NLGATLKGV	S+P
A1	TYRO	248	TDEYMGGQH	SVM	A3	WT1	287	RIHTHGVFR	S+P
A1	TYRO	319	EFCLSLTQY	SVM	A1	WT1	101	TGTAGACRY	SVM
A1	TYRO	392	FVDSIFEQW	SVM	A1	WT1	232	QLECMTWNQ	SVM
A2	TYRO	171	NIYDLFVWM	SVM	A1	WT1	252	AGSSSSVKW	SVM
A2	TYRO	175	LFVWMHYYV	SVM	A1	WT1	278	TPILCGAQY	SVM
A2	TYRO	473	RIWSWLLGA	SVM	A2	WT1	126	RMFPNAPYL	SVM
A2	TYRO	477	WLLGAAMVG	SVM	A2	WT1	302	RVPGVAPTL	SVM
A2	TYRO	478	LLGAAMVGA	SVM	A24	WT1	417	RWPSCQKKF	SVM
A2	TYRO	483	MVGAVLTAL	SVM	A3	WT1	137	CLESQPAIR	SVM
A24	TYRO	5	VLYCLLWSF	SVM	A3	WT1	240	QMNLGATLK	SVM
A24	TYRO	177	VWMHYYVSM	SVM	A3	WT1	279	PILCGAQYR	SVM
A24	TYRO	346	GFASPLTGI	SVM	B7	WT1	26	LPVSGAAQW	SVM
A24	TYRO	385	IFLLHHAFV	SVM	B7	WT1	303	VPGVAPTLV	SVM
A24	TYRO	474	IWSWLLGAA	SVM	neg	XP058	60	SNLEEKQRS	neg
A3	TYRO	14	QTSAGHFPR	SVM	neg	XP058	66	QRSLQIMRQ	neg
A3	TYRO	79	SWPSVFYNR	SVM	neg	XP058	48	EDKNNLLFQ	neg

Anhang II fortgesetzt

HLA-Allel	TAA	Position	Sequenz	Algorithmus
neg	XP058	63	EEKQRSLQI	neg
neg	XP058	112	EMLWNKTFE	neg
neg	XP058	114	LWNKTFEAE	neg
neg	XP058	64	EKQRSLQIM	neg
A2	XP058	25	YLKELNEDL	PSSM
A3	XP058	57	KLMSNLEEK	PSSM
B7	XP058	45	KPLEDKNNL	PSSM
A2	XP058	40	ELLEMLKPL	S+P
A2	XP058	55	LFQKLMSNL	SVM
A3	XP058	29	ELNEDLKLR	SVM

8.3 Anhang III: Ausgewählte Peptide aus JCV und BKV

Protein	Position	Sequenz	Protein	Position	Sequenz	Protein	Position	Sequenz
JCV	397	CLLPQMDTV	JCV	605	DLEISMYTF	BKV	191	CAGHNIIFF
JCV	534	VPRTLQARF	JCV	231	YLFYSALCR	BKV	287	VFLLLGMYL
JCV	481	AESRDLPSG	JCV	545	QIDFRAKAY	BKV	410	FLHCVVFNV
JCV	482	ESRDLPSGH	JCV	568	RILQSGMTL	BKV	477	VKGTGAESK
JCV	27	IPVMRKAYL	JCV	155	RTVASFAVY	BKV	483	ESKDLPSGH
JCV	439	ALLDLCGGK	JCV	165	TKEKAQILY	BKV	474	FEDVKGTGA
JCV	509	NLERKHQNK	JCV	33	AYLKKCKEL	BKV	156	RTLACFAVY
JCV	211	NYCQKLCTF	JCV	414	VLNIPKKRY	BKV	136	DPKDFPSDL
JCV	135	DPKDFPVDL	JCV	474	EDVKGTGAE	BKV	140	FPDELHQFL
JCV	569	ILQSGMTLL	JCV	529	MNEFSVPRT	BKV	293	MYLEFQYNV
JCV	139	FPVDLHAFL	JCV	477	KGTGAESRD	BKV	574	GMTLLLLLI
JCV	176	LMEKYSVTF	JCV	581	IWFRPVADF	BKV	624	GKCILDITR
JCV	612	TFSRMKANV	JCV	13	LMDLLGLDR	BKV	196	IIFFLTPHR
JCV	489	GHGISNLDC	JCV	292	MYLDFQYNP	BKV	577	LLLLLIWFR
JCV	388	YMAGVAWIH	JCV	488	SGHGISNLD	BKV	534	PVPKTLQAR
JCV	473	FEDVKGTGA	JCV	89	EWESWWNTF	BKV	569	RILQSGMTL
JCV	435	TLAAALLDL	JCV	576	LLLLLIWFR	BKV	476	DVKGTGAES
JCV	409	FLKCIVLNI	JCV	478	GTGAESRDL	BKV	166	TKEKAQILY
JCV	341	AVDTVAAKQ	JCV	190	FGGHNILFF	BKV	490	GHGINNLDS
JCV	623	GRPILDFPR	JCV	138	DFPVDLHAF	BKV	436	TLAAGLLDL
JCV	413	IVLNIPKKR	BKV	418	IPKRRYWLF	BKV	546	QIDFRAKIY
JCV	464	VGIDQFMVV	BKV	389	YMAGVAWLH	BKV	478	KGTGAESKD
JCV	369	LLDKMDLIF	BKV	362	MLTERFNHI	BKV	489	SGHGINNLD
JCV	350	RVDSIHMTR	BKV	144	LHQFLSQAV	BKV	475	EDVKGTGAE
JCV	147	LSQAVFSNR	BKV	440	GLLDLCGGK	BKV	89	EWESWWSSF
JCV	361	MLVERFNFL	BKV	470	YMVVFEDVK	BKV	212	NFCQKLCTF
JCV	469	FMVVFEDVK	BKV	415	VFNVPKRRY	BKV	582	IWFRPVADF
JCV	533	SVPRTLQAR	BKV	570	ILQSGMTLL	BKV	177	LMEKYSVTF
JCV	28	PVMRKAYLK	BKV	27	LPLMRKAYL	BKV	232	YLLYSALTR
JCV	476	VKGTGAESR	BKV	414	VVFNVPKRR	BKV	209	AINNFCQKL
JCV	475	DVKGTGAES	BKV	351	RVDTLHMTR	BKV	370	ILDKMDLIF
JCV	208	AINNYCQKL	BKV	530	MNEFPVPKT	BKV	606	DSEISMYTF
JCV	480	GAESRDLPS	BKV	481	GAESKDLPS	BKV	482	AESKDLPSG
JCV	286	VFLLMGMYL	BKV	479	GTGAESKDL	BKV	148	LSQAVFSNR
JCV	143	LHAFLSQAV	BKV	613	TFSRMKYNV	BKV	139	DFPSDLHQF
JCV	394	WIHCLLPQM	BKV	465	VAIDQYMVV			

8.4 Anhang IV: Tumorassoziierte Antigene aus denen Vorhersagen mit SVM und PSSM durchgeführt wurden

Anhang IV: Tumorassoziierte Antigene aus denen Vorhersagen mit SVM und PSSM durchgeführt wurden

ID	Protein	Funktion	Expression in gesundem Gewebe	Expression in Tumoren
APC	adenomatous polyposis coli	Tumorsupressor, involviert im Wnt-Signalweg, Zelladhesion, Negativregulator des Zellzyklus	ubiquitär	kolorektale Karzinome
BAGE	B melanoma antigen	unbekannt	Testis	Blasen-, Lungen- und Mammakarzinome; metastasierendes Melanom
BARD	BRCA1-associated RING domain protein 1	Tumorsupressor, Zellzyklus, Protein-Ubiquitinylierung	ubiquitär	Mamma-, Eierstock- und Blasenkarzinome
Bcl-2	Apoptosis regulator Bcl-2	Apoptoseregulation, Zellzyklusregulation, negative Regulation der Proliferation	ubiquitär	Leukemien, Lymphom
CA125	Ovarian cancer related tumor marker CA125	unbekannt	Kornea, Gehirn, Lymphozyten, Gebärmutter	Eierstockkarzinom
CLCA2	Calcium-activated chloride channel-2	Chlorid-Transport, Tumorsupressor im Mammakarzinom	Brustdrüsen, Trachea und Lunge	Brustkarzinom
cdk4	Cyclin-dependent kinase 4	Ser/Thr Proteinkinase, Zellzyklusregulation, Proliferation, Mutationen in cdk4 sind an Tumorentstehung beteiligt	ubiquitär	Melanom
CEA	carinoembryonic antigen	unbekannt	fötaler Darm	Adenokarzinom
E2BA	eukaryotic translation initiation factor 2B	Proteinbiosynthese, Translationsinitiation	ubiquitär	Lungenkarzinom
E2F	Trancription factor E2F	Transkriptionsfakor, Zellzykluskontrolle, Apoptosemediator	ubiquitär	Retinoblastom
GAGE	G antigen	unbekannt	Testis	Vielzahl von Tumoren
Her2/neu	v-erb-b2 avian erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2	epidermal growth factor Rezeptor, Signaltransduktion, Proliferation, AS-Phosphorylierung	ubiquitär	Mammakarzinom
hTert	Telomerase reverse transcriptase	Verlängerung der Enden der Telomere nach der Zeilteilung, Zellimmortalisation	sich teilende Zellen	Vielzahl von Tumoren
IL-24	Interleukin 24	Antiproliferative Eigenschaften im humanen Melanom	Niere, Thymus, Melanozyten	Melanom
LAGE	cancer/testis antigen 2	unbekannt	Testis, Plazenta und Uterus	Melanom, Lungen-, Blasen-, Prostatakarzinom
MAGE-A2	melanoma antigen A2	unbekannt	Testis, Plazenta	Melanom, Lungen- und Mammakarzinom
MIA	Melanoma inhibitory activity	Proliferation, lost in vitro Wachstumsinhibition in Melanomzellen aus	nach 60 Zyklen PCR in verschiedesten Zelllinien	Melanom, Gliom
MUC1	mucin1	Bindung von Pathogenen, Signaltransduktion, Adhesion, Zell-Zell-Interaktion	Epithelzellen, aktivierte T-Zellen	epitheliale Tumore, Brust- und Eierstockkarzinome
NY-ESO	cancer/testis antigen 1B	unbekannt	Testis und Eierstöcke	Vielzahl von Tumoren

Anhang IV fortgesetzt

Anhang IV fortgesetzt

ID	Protein	Funktion	Expression in gesundem Gewebe	Expression in Tumoren
p21	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A	Cyclin-abhängiger Kinaseinhibitor, Tumorsupressor, reguliert Zellzyklusprogression, interagiert mit p53	ubiquitär	Thymus-Lymphom
p53	celluar tumor antigen p53	Zellzyklusregulation, Tumorsupressor, Zelldifferenzierung, Proliferation, durch Mutationen Verlust der Supressoreigenschaften, Induktion von Apoptose	schwache Expression in normalen Zellen	Vielzahl von Tumoren
PHF3	PHD finger protein 3	DNA-abhängige Regulation der Transkription	ubiquitär	reduziert in Glioblastomen und Astrozytomen
PLST	T-Plastin	Actin-bindendes Protein	Vielzahl von Organen, Muskeln, Gehirn, Gebärmutter und Ösophagus	Sezary Syndrom
PSA	prostate specific antigen	Serin Protease, Negativregulator der Angiogenese, Proteolyse und Peptidolyse	Prostata	Prostatakarzinom
NRAGE	melanoma-associated antigen D1	involviert in programmierten Zelltod	ubiquitär	Glioblastom
RasH	GTPase Hras precursor	Bindung von GDP/GTP, GTPase Aktivität, Zellzyklusregulation, Proteintransport	ubiquitär	Blasen- und oral squamos cell Karzinom
Rb	Retinoblastoma associated protein	Tumorsupressor, Negativregulator des Zellzyklus, formt Komplexe mit SV40 large T	Retina	Retinoblastom, Blasenkarzinom
survivin	apoptose inhibitor survivin	Apoptoseinhibitor	fetale Entwicklung, schwache Expression in erwachsenen Geweben	Adenokarzinome der Lunge, Pankreas, Kolon, Brust und Prostata; high grade Lymphome
SV40	simian virus 40 large T antigen	Interaktion mit p53 und Rb		Mesotheliome, non-Hodgkin Lymphome
TRP-1	Tyrosinase related protein 1	Melaninbiosynthese	pigmentierte Zellen	Melanom
TRP-2	Tyrosinase related protein 2	Melaninbiosynthese	pigmentierte Zellen	Melanom
Tyrosinase	Tyrosinase	Oxidase, Melaninbiosynthese	pigmentierte Zellen	Melanom
TSGA-10	testis-specific protein 10	Spermatogenese, Proteintransport vom ER zum Golgi-Apparat	Testis, PBMC, gesunde Haut, Pankreas	Vielzahl von Tumoren
WT1	Wilm´s tumor protein	Negativregulator des Zellzyklus, DNA-abhängige Regulation der Transkription, Entwicklung des Urogenitaltraktes, mutiert im Wilms Tumor	Niere und hematopoetische Zellen	Wilms Tumor
XP058	hypothetical protein	unbekannt	unbekannt	unbekannt

In dieser Tabelle sind die 35 Proteine, aus denen Vorhersagen mit SVM und PSSM durchgeführt wurden zusammengefaßt. Die Daten zu Funktion und Expression wurden mit "Bioinformatic Harvester" (http://harvester.embl.de; 2006) zusammengetragen.

8.5 Anhang V: TAA Expression in einzelnen Proben

Zellinie	Gewebe	APC	BARD	Bcl-2	CA125	cdk4	CEA	CLCA2	E2BA	E2F	GAGE	Her2	hTert	IL-24	LAGE	MAGE2	MIA
SK-Mel 28	Melanom																
SK-Mel 37	Melanom																
SK-Mel 24a	Melanom										nd				nd		
Sk-Mel 24b	Melanom																
SK-Mel 29	Melanom																
Malme-3Ma	Melanom																
Malme-3Mb	Melanom																
cHNS1	Melanom																
cHNS2	Melanom																
cLRDa	Melanom																
cLRDb	Melanom										nd				nd		
mTRI	Melanom																
cATE	Melanom																
cESA	Melanom																
cRTT	Melanom																
cHRR1	Melanom																
cHRR2a	Melanom																
cHRR2b	Melanom																
mHRG	Melanom																
mGAR	Melanom																
mHCH	Melanom																
cNRTa	Melanom																
cNRTb	Melanom																
mIEL1	Melanom																
mIEL2	Melanom																
cIEL1	Melanom																
cCLD	Melanom																
mCLD	Melanom																
mTRB	Melanom																
cISE	Melanom																
mHMO	Melanom																
cÄHDa	Melanom																
cÄHDb	Melanom																
mEET1	Melanom	nd	nd					nd			nd				nd	nd	
cEET2	Melanom																
mEET2	Melanom																
cYEN	Melanom																
NTR	Sezary Syndrom																
ROR	Mycosis Fungoides																
RLR	Mycosis Fungoides																
UGD	Sezary Syndrom																
BRL	Sezary Syndrom																
INS	Sezary Syndrom																
LBI	Sezary Syndrom																
HÖR	Sezary Syndrom																
UNG	Sezary Syndrom																
IUT	Pankreaskarzinom																
LAN	Pankreaskarzinom																
CHE	Pankreaskarzinom																
gesunde Haut	Brustreduktion																
gesunde Haut	Brustreduktion																
gesunde Haut	Brustreduktion																
gesunde Haut	Vorhaut																
gesunde Haut	Vorhaut																
gesunde Haut	Haut																
gesunde Haut	Haut																
gesunde Haut	Haut																
gesunde Haut	Vorhaut+Brustreduktion																
gesunde Haut	Vorhaut+Brustreduktion																
PBMC-RGE	PBMC-Melanom																
PBMC-TLA	PBMC-Melanom																
PBMC-ICH	PBMC-Melanom																
PBMC-SLG	PBMC-Melanom																
PBMC-COL	PBMC-Melanom																
PBMC-GRE	PBMC-Melanom																
PBMC-RSS	PBMC-Melanom																
PBMC-W	PBMC-Gesund																
PBMC-E	PBMC-Gesund																
PBMC-R	PBMC-Gesund																
PBMC-T	PBMC-Gesund																
PBMC-P	PBMC-Gesund																
PBMC-F	PBMC-Gesund																
PBMC-C	PBMC-Gesund																
PBMC-A	PBMC-Gesund																
PBMC-D	PBMC-Gesund																
PBMC-V	PBMC-Gesund																
85/257/RDB	Margenkarzinomlinie																
85/257/P	Margenkarzinomlinie																
85/257/RDB/K3	Margenkarzinomlinie																
K-562	chronische myeloide Leukämie																
Molt4	akute lymphoblastische Leukämie																
Jurkat	akute lymphoblastische Leukämie																
CCR-CEM	akute lymphoblastische Leukämie																
Myla	Mycosis Fungoides																
THP1	Monozyten-Zelllinie																
Tisi	B-Lymphoblastoide Linie																
Emj	B-Lymphoblastoide Linie																
Daudi	B-Lymphoblastoide Linie																
JY	B-Lymphoblastoide Linie																
HMy2.C1R	B-Lymphoblastoide Linie																

Anhang V fortgesetzt

Zellinie	Gewebe	MUC1	NRAGE	NY-ESO	p21	p53	PHF 3	PLST	RasH	Rb	SUR	TRP-1	TRP-2	TSGA10	TYRO	WT1
SK-Mel 28	Melanom															
SK-Mel 37	Melanom															
SK-Mel 24a	Melanom	nd												nd		
Sk-Mel 24b	Melanom															
SK-Mel 29	Melanom															
Malme-3Ma	Melanom															
Malme-3Mb	Melanom															
cHNS1	Melanom															
cHNS2	Melanom															
cLRDa	Melanom															
cLRDb	Melanom	nd												nd		
mTRI	Melanom													-		
cATE	Melanom															
cESA	Melanom															
cRTT	Melanom															
cHRR1	Melanom															
cHRR2a	Melanom															
cHRR2b	Melanom															
mHRG	Melanom															
mGAR	Melanom															
mHCH	Melanom															
cNRTa	Melanom															
cNRTb	Melanom															
mIEL1	Melanom															
mIEL2	Melanom															
cIEL1	Melanom															
cCLD	Melanom															
mCLD	Melanom															
mTRB	Melanom															
cISE	Melanom															
mHMO	Melanom															
cÄHDa	Melanom															
cÄHDb	Melanom															
mEET1	Melanom	nd											nd	nd	nd	
cEET2	Melanom															
mEET2	Melanom															
cYEN	Melanom															
NTR	Sezary Syndrom															
ROR	Mycosis Fungoides															
RLR	Mycosis Fungoides															
UGD	Sezary Syndrom															
BRL	Sezary Syndrom															
INS	Sezary Syndrom															
LBI	Sezary Syndrom															
HÖR	Sezary Syndrom															
UNG	Sezary Syndrom															
IUT	Pankreaskarzinom															
LAN	Pankreaskarzinom															
CHE	Pankreaskarzinom															
gesunde Haut	Brustreduktion															
gesunde Haut	Brustreduktion															
gesunde Haut	Brustreduktion															
gesunde Haut	Vorhaut															
gesunde Haut	Vorhaut															
gesunde Haut	Haut															
gesunde Haut	Haut															
gesunde Haut	Haut															
gesunde Haut	Vorhaut+Brustreduktion															
gesunde Haut	Vorhaut+Brustreduktion															
PBMC-RGE	PBMC-Melanom															
PBMC-TLA	PBMC-Melanom															
PBMC-ICH	PBMC-Melanom															
PBMC-SLG	PBMC-Melanom															
PBMC-COL	PBMC-Melanom															
PBMC-GRE	PBMC-Melanom															
PBMC-RSS	PBMC-Melanom															
PBMC-W	PBMC-Gesund															
PBMC-E	PBMC-Gesund															
PBMC-R	PBMC-Gesund															
PBMC-T	PBMC-Gesund															
PBMC-P	PBMC-Gesund															
PBMC-F	PBMC-Gesund															
PBMC-C	PBMC-Gesund															
PBMC-A	PBMC-Gesund															
PBMC-D	PBMC-Gesund															
PBMC-V	PBMC-Gesund															
85/257/RDB	Margenkarzinomlinie															
85/257/P	Margenkarzinomlinie															
85/257/RDB/K3	Margenkarzinomlinie															
K-562	chronische myeloide Leukämie															
Molt4	akute lymphoblastische Leukämie															
Jurkat	akute lymphoblastische Leukämie															
CCR-CEM	akute lymphoblastische Leukämie															
Myla	Mycosis Fungoides															
THP1	Monozyten-Zelllinie															
Tisi	B-Lymphoblastoide Linie															
Emj	B-Lymphoblastoide Linie															
Daudi	B-Lymphoblastoide Linie															
JY	B-Lymphoblastoide Linie															
HMy2.C1R	B-Lymphoblastoide Linie															

Gezeigt ist die Expression der verschiedenen TAA in den einzelnen Proben. Gefüllte Kastchen zeigen an, daß das entsprechende Gen exprimiert wird, bei leeren Kästchen konnte keine Expression nachgewiesen werden. Für die Melanomproben bezeichnen kleine Buchstaben nach dem Probennamen cDNA Proben von unabhängigen Kulturen der gleichen Zelllinie. Kleine Buchstaben vor dem Probennamen indizieren, daß die cDNA entweder direkt aus der Tumorprobe (m), oder aus einer durch Kultivierung gewonnenen Zelllinie (c) hergestellt wurde. Nummern nach dem Probennamen bezeichnen unterschiedliche Proben eines Patienten. Es sind nur die Proteine gezeigt, bei denen eine mRNA Expression detektiert werden konnte. nd= nicht durchgeführt.