

Inhaltsverzeichnis

1.	Chymo1-2	1
1.1.	Originale Albumin-Sequenz	1
1.2.	Eingefügte Mutationen	1
1.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	1
2.	Chymo1-3	2
2.1.	Originale Albumin-Sequenz	2
2.2.	Eingefügte Mutationen	2
2.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	2
3.	Chymo 2-2	3
3.1.	Originale Albumin-Sequenz	3
3.2.	Eingefügte Mutationen	3
3.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	3
4.	Chymo 3.1.....	4
4.1.	Originale Albumin-Sequenz	4
4.2.	Eingefügte Mutationen	4
4.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	4
5.	EGFR 1-2	5
5.1.	Originale Albumin-Sequenz	5
5.2.	Eingefügte Mutationen	5
5.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	5
6.	EGFR 1-3	6
6.1.	Originale Albumin-Sequenz	6
6.2.	Eingefügte Mutationen	6
6.3.	Mutierte Albumin-Sequenz	6

In diesem Anhang sind die im Labor getesteten Varianten dargestellt. Zu sehen ist die originale und die mutierte Sequenz von Albumin mit in Rot markierten Aminosäuren, die durch die Mutation ersetzt werden (in Grün). Außerdem sind die jeweiligen Mutationen an der jeweiligen Stelle zu sehen.

Die Varianten wurden von Fabian Klötzer erstellt, ebenso wie die hier dargestellten Ergebnis-Dokumente.

1. Chymo1-2

1.1. Originale Albumin-Sequenz

>6HSC_1|Chains A, B|Serum albumin|Homo sapiens (9606)

001	DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLI	AFAQYLQQCPFEDHV	KLVNEVTEFA	050			
051	KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGE	M	ADCCAKQEPERNE	100			
101	CFL	QHKDDNP	NLPRLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYE	IARRHPYFY	150		
151	APELLFFAKRYKAA	FTTECCQAADKAACLLPKLDEL	RDEGKASSAKQ	RLKC	200		
201	ASL	QKFGERA	FKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLV	TDLT	TKVHTECCHGDL	250	
251	LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA				300		
301	DLP	SLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSV	VLLRLA		350		
351	KTYET	TLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNL	IKQNCELFEQLGE		400		
401	YKFQ	NALLVRYTKKVP	QVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMP	CAE	450		
451	DYLSV	VLNQLCVLH	E	KTPVSD	RVTKCCTES	LVNRRPCFSALEVDETYVPK	500
501	EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD				550		
551	FAAFVEKCKKADDKETCFAEEGKKLV	AASQAALGL			585		

1.2. Eingefügte Mutationen

- 87) M → L	104) Q → K
- 105) H → F	106) K → I
- 108) D → T	109) N → E
- 111) N → P	197) R → Y
- 204) Q → F	205) K → L
- 206) F → L	210) A → W
- 243) T → L	244) E → K
- 247) H → F	248) G → H
- 417) Q → K	465) E → L
- 467) T → H	470) S → E
- 471) D → W	474) T → W
- 475) K → E	479) E → M
- 480) S → E	

1.3. Mutierte Albumin-Sequenz

>Chymo1_Alb2_Final_1_2

001	DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLI	AFAQYLQQCPFEDHV	KLVNEVTEFA	050			
051	KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGE	M	ADCCAKQEPERNE	100			
101	CFL	KFTDTEP	NLPRLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYE	IARRHPYFY	150		
151	APELLFFAKRYKAA	FTTECCQAADKAACLLPKLDEL	RDEGKASSAKQ	YLKC	200		
201	ASL	FLIGER	NFKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLV	TDLT	TKVHLKCCFHDL	250	
251	LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA				300		
301	DLP	SLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSV	VLLRLA		350		
351	KTYET	TLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNL	IKQNCELFEQLGE		400		
401	YKFQ	NALLVRYTKKVP	KVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMP	CAE	450		
451	DYLSV	VLNQLCVLH	E	KHPVEWRV	WECCTME	LVNRRPCFSALEVDETYVPK	500
501	EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD				550		
551	FAAFVEKCKKADDKETCFAEEGKKLV	AASQAALGL			585		

2. Chymo1-3

2.1. Originale Albumin-Sequenz

```
>1A06_1|Chains A,B|SERUM ALBUMIN|Homo sapiens (9606)
001    DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLQQCPFEDHVKLNVNEVTEFA    050
051    KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNE    100
101    CFLQHKDDNPPLRLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYEIAARRHPYFY    150
151    APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKAACLLPKLDELDEGKASSAKQRLKC    200
201    ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLVTDLTQVHTECCHGDL    250
251    LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA    300
301    DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVVLRLRLA    350
351    KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCLELFEQLGE    400
401    YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKKHPEAKRMPCAE    450
451    DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK    500
501    ENNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMD    550
551    FAFVEKCKKADDKETCFAEEGKRLVAASQAALGL    585
```

2.2. Eingefügte Mutationen

- 390) Q → F	393) E → D
- 397) Q → L	406) A → W
- 410) R → M	413) K → L
- 414) K → I	489) S → W
- 492) E → Q	495) E → D
- 501) E → D	502) F → S
- 535) H → M	536) K → Y
- 539) A → L	540) T → C
- 541) K → T	542) E → L
- 543) Q → R	545) K → F
- 547) V → A	550) D → L
- 553) A → W	557) K → Y
- 574) K → R	577) A → E
- 578) A → I	580) Q → M
- 581) A → W	

2.3. Mutierte Albumin-Sequenz

```
>Chymo1_Alb1_Final_1_3
001    DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLQQCPFEDHVKLNVNEVTEFA    050
051    KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNE    100
101    CFLQHKDDNPPLRLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYEIAARRHPYFY    150
151    APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKAACLLPKLDELDEGKASSAKQRLKC    200
201    ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLVTDLTQVHTECCHGDL    250
251    LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA    300
301    DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVVLRLRLA    350
351    KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKFNCDLFELLGE    400
401    YKFQNALLVMYTLKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKKHPEAKRMPCAE    450
451    DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFWALQVDDTYVPK    500
501    DSNNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKMYPKLCTLRLEAAMD    550
551    FAFVEKCKKADDKETCFAEEGKRLVEISMALGL    585
```

3. Chymo 2-2

3.1. Originale Albumin-Sequenz

>6HSC_1|Chains A, B|Serum albumin|Homo sapiens (9606)

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOQCFFDHVKLNVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVALRETYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLQHKDDNPNLPRLVRPEVDMCTAFHDNEEIFLKIYLYEIARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAACLLPKLDELRDEGKASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLTKVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCELFEQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK   500
501   EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL   585
```

3.2. Eingefügte Mutationen

- 33) Q → L	35) P → M
- 37) E → Y	40) V → M
- 79) T → Y	82) E → D
- 83) T → L	111) N → P
- 114) R → K	116) V → I
- 122) V → M	125) T → L
- 126) A → D	129) D → L
- 130) N → D	133) T → L
- 137) K → L	520) E → D

3.3. Mutierte Albumin-Sequenz

>Chymo1_Al~~b~~2_Final_2_2

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOLCMFYDHMKLNVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVALRDLIYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLQHKDDNPNLPRLVRPEVDMCTAFHDNEEIFLKIYLYEIARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAACLLPKLDELRDEGKASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLTKVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCELFEQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK   500
501   EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL   585
```

4. Chymo 3.1

4.1. Originale Albumin-Sequenz

>6HSC_1|Chains A, B|Serum albumin|Homo sapiens (9606)

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOQCPFEDHVKLVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVANLRETYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLQHKDDNPNLRLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYEIIARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAACLLPKLDELRDEGEASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLTKVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVVLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCELFEQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVESRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK   500
501   EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL   585
```

4.2. Eingefügte Mutationen

- 33) Q → L	79) T → N
- 82) E → N	83) T → I
- 104) Q → R	105) H → F
- 109) N → K	111) N → P
- 114) R → Q	190) K → E
- 419) S → D	421) P → L
- 422) T → I	425) E → M
- 459) Q → I	462) V → I
- 463) L → M	467) T → Y
- 469) V → K	503) N → D
- 505) E → A	506) T → W
- 508) T → K	523) I → F
- 527) T → L	

4.3. Mutierte Albumin-Sequenz

>Chymo1_Alb2_Final_3_1

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOLCPFEDHVKLVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVANLRNIYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLREKDDKPELPLVRPEVDVMCTAFHDNEETFLKKYLYEIIARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTECCQAADKAACLLPKLDELRDEGEASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLTKVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVVLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCELFEQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVDTLLLVMSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNLLCIMHEKVPKSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK   500
501   EFDAAWFKTFHADICTLSEKERQEKKQLALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKCKADDKETCFAEEGKKLVAASQAALGL   585
```

5. EGFR 1-2

5.1. Originale Albumin-Sequenz

```
>1A06_1|Chains A,B|SERUM ALBUMIN|Homo sapiens (9606)
001    DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOQCPFEDHVKLVNEVTEFA    050
051    KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRITYGEMADCCAKQEPERNE    100
101    CFLQHKDDNPDLHPLVRPNVDVMCKAFHDNEETFLKKYLYEIIARRHPYFY    150
151    APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKLACLLPKLDELRLDEGKASSAKQRLKC    200
201    ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLVTDLTQVHTECCHGDL    250
251    LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA    300
301    DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLLRLA    350
351    KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCSELFQQLGE    400
401    YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE    450
451    DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK    500
501    EFNAETFTFLHADICILSEKERQIMKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD    550
551    FAAFVEKCCCKADDKETCFEEGKKLVAASQAALGL    585
```

5.2. Eingefügte Mutationen

- 33) Q → Y	80) L → N
- 82) E → D	83) T → I
- 111) N → D	113) P → H
- 114) R → P	116) V → Y
- 119) E → N	125) T → K
- 175) A → L	510) H → L
- 511) A → F	512) D → I
- 515) T → K	524) K → M
- 564) K → Q	565) E → F
- 568) F → M	569) A → F

5.3. Mutierte Albumin-Sequenz

```
>EGFR1_Albi_Final_1_2
001    DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLIAFAQYLOQCPFEDHVKLVNEVTEFA    050
051    KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATNRDIYGEMADCCAKQEPERNE    100
101    CFLQHKDDNPDLHPLVRPNVDVMCKAFHDNEETFLKKYLYEIIARRHPYFY    150
151    APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKLACLLPKLDELRLDEGKASSAKQRLKC    200
201    ASLQKFGERAFAKAWAVARLSQRFPAEFAEVSKLVTDLTQVHTECCHGDL    250
251    LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA    300
301    DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSVLLLLRLA    350
351    KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNCSELFQQLGE    400
401    YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE    450
451    DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVDETYVPK    500
501    EFNAETFTFLFTICKLSEKERQIMKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD    550
551    FAAFVEKCCCKADDQETCMEEGKKLVAASQAALGL    585
```

6. EGFR 1-3

6.1. Originale Albumin-Sequenz

>6HSC_1|Chains A, B|Serum albumin|Homo sapiens (9606)

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLI AFAQYLOCPFEDHVKLVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLQHKDDNPILPRLVVRPEVDVMCTLFHDNEETFLKKYLYE IARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKAACLLPKLDEL RDEGKASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLT KVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSV VLLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNC ELFQQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVSTPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNQLCVLHEKTPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVD ETYVPK   500
501   EFNAETFTFHADICTLSEKERQIKQTALVELVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKKADDKETCFEEGKKLV AASQAALGL   585
```

6.2. Eingefügte Mutationen

- 33) Q → Y	111) N → L
- 114) R → I	115) L → P
- 119) E → P	
- 122) V → D	126) A → L
- 419) S → P	420) T → L
- 466) K → I	467) T → N
- 503) N → E	504) A → L
- 505) E → W	506) T → A
- 508) T → L	509) F → A
- 510) H → T	
- 511) A → P	512) D → A
- 515) T → Q	516) L → F
- 517) S → P	
- 524) K → F	527) T → L
- 528) A → M	531) E → L
- 565) E → V	566) T → M
- 569) A → L	

6.3. Mutierte Albumin-Sequenz

>EGFR1_Alb2_Final_1_3

```
001   DAHKSEVAHRFKDLGEENFKALVLI AFAQYLOCPFEDHVKLVNEVTEFA   050
051   KTCVADESAENCDKSLHTLFGDKLCTVATLRETYGEMADCCAKQEPERNE   100
101   CFLQHKDDNPILPRLVVRPEVDVMCTLFHDNEETFLKKYLYE IARRHPYFY   150
151   APELLFFAKRYKAAFTTECCQAADKAACLLPKLDEL RDEGKASSAKQRLKC   200
201   ASLQKFGERAFKAWAVARLSQRFPKAEFAEVSKLVTDLT KVHTECCHGDL   250
251   LECADDRADLAKYICENQDSISSKLKECCEKPLLEKSHCIAEVENDEMPA   300
301   DLPSLAADFVESKDVCKNYAEAKDVFLGMFLYEYARRHPDYSV VLLLRLA   350
351   KTYETTLEKCCAAADPHECYAKVFDEFKPLVEEPQNLIKQNC ELFQQLGE   400
401   YKFQNALLVRYTKKVPQVPLPTLVEVSRNLGKVGSKCKHPEAKRMPCAE   450
451   DYLSVVLNQLCVLHEINPVSDRVTKCCTESLVNRRPCFSALEVD ETYVPK   500
501   EFLWAFATPAICQFPEKERQIEKQLMLVLLVKHKPKATKEQLKAVMDD   550
551   FAAFVEKCKKADDKVMCFLEEGKKLV AASQAALGL   585
```