

Peptide (=SEQ ID No.)	AA positio n	AA sequence	No. positive patients	%	No. positive patients	%
89	289-300	NYDRWGTYAIGG	11	22,9	6	12,5
90	292-303	RWGTYAIGGSSA	5	10,4	3	6,3
91	295-306	TYAIGGSSAPTI	13	27,1	11	22,9
92	298-309	IGGSSAPTILCQ	3	6,3	2	4,2
93	301-312	SSAPTILCQGNR	6	12,5	4	8,3
94	304-315	PTILCQGNRFLA	11	22,9	9	18,8
95	307-318	LCQGNRFLAPDD	0	0,0	0	0,0
96	310-321	GNRFLAPDDQIK	5	10,4	4	8,3
97	313-324	FLAPDDQIKKNV	6	12,5	4	8,3
98	316-327	PDDQIKKNVLAR	13	27,1	8	16,7
99	319-330	QIKKNVLARTGT	8	16,7	4	8,3
100	322-333	KNVLARTGTGAA	6	12,5	5	10,4
101	325-336	LARTGTGAAESM	10	20,8	7	14,6
102	328-339	TGTGAAESMAWN	9	18,8	6	12,5
103	331-342	GAAESMAWNWRS	2	4,2	1	2,1
104	334-345	ESMAWNWRSDKD	2	4,2	1	2,1
105	337-348	AWNWRSDKDLLE	4	8,3	3	6,3
106	340-351	WRSDKDLLENGA	3	6,3	1	2,1
107	343-354	DKDLLENGAIFV	30	62,5	27	56,3
108	346-357	LENGAIFVTSG	27	56,3	24	50,0
109	349-360	NGAIFVTSGSDP	12	25,0	9	18,8
110	352-363	IFVTSGSDPVLT	13	27,1	11	22,9
111	355-366	TSGSDPVLTPVQ	16	33,3	11	22,9
112	358-369	SDPVLTPVQSAG	7	14,6	3	6,3
113	361-372	VLTPVQSAGMIP	4	8,3	1	2,1
114	364-375	PVQSAGMIPAEP	8	16,7	5	10,4
115	367-378	SAGMIPAEPGEA	18	37,5	17	35,4
116	370-381	MIPAEPGEAAIK	6	12,5	4	8,3
117	373-384	AEPGEAAIKLTS	4	8,3	3	6,3
118	376-387	GEAAIKLTSSAG	10	20,8	8	16,7
119	379-390	AIKLTSSAGVLS	16	33,3	10	20,8
120	382-393	LTSSAGVLSCRIP	14	29,2	9	18,8
121	385-397	SAGVLSCRIPGAPC	6	12,5	2	4,2