



NOD2 (NM_022162.3) - cDNA + Protein - 2024-05-19

ACTTACTTGT GGCCTGTCCC CTCGTGAATG TGTCTCATGT CCCCAGTGGG -247
GTTTTTCAGT GAGGGTCATG GTCTCCAGGA TGCACAAGGC TTTGTGCCAG -197
AATTGCTTGG AATTGCCTAG TTCTGGAAGG CTGGTTGGCC AACTCTGGCC -147
TCCGGCTTTT CCTTTGGGAA TTTCCCTTGA AGGTGGGGTT GGTAGACAGA -97
TCCAGGCTCA CCAGTCCTGT GCCACTGGGC TTTTGGCGTT CTGCACAAGG -47 c.-53C>T
CCTACCCGCA GATGCCATGC CTGCTCCCCC AGCCTAATGG GCTTTGATGG 4

MetG 2

GGGAAGAGGG TGGTTCAGCC TCTCACGATG AGGAGGAAAG AGCAAGTGTC 54
lyGluGluG1 yGlySerAla SerHisAspG luGluGluAr gAlaSerVal 18

CTCCTCGGAC ATTCTCCGGG TTGTGAAATG TGCTCGCAGG AGGCTTTTCA 104
LeuLeuGlyH isSerProG1 yCysGluMet CysSerGlnG luAlaPheG1 35

GGCACAGAGG AGCCAGCTGG TCGAGCTGCT GGTCTCAGGG TCCCTGGAAG 154 R38M E43Y
nAlaGlnArg SerGlnLeuV alGluLeuLe uValSerGly SerLeuGluG 52

GCTTCGAGAG TGTCTGGAC TGGCTGCTGT CCTGGGAGGT CCTCTCCTGG 204
lyPheGluSe rValLeuAsp TrpLeuLeuS erTrpGluVa lLeuSerTrp 68

GAGGACTACG AGGGCTTCCA CCTCCTGGGC CAGCCTCTCT CCCACTTGGC 254 L81V
GluAspTyrG luGlyPheHi sLeuLeuGly GlnProLeuS erHisLeuAl 85

CAGGCGCCTT CTGGAC~~A~~CCG TCTGGAATAA GGGTACTTGG GCCTGTCAGA 304 [T91A](#)

aArgArgLeu LeuAspThrV aLTrpAsnLy sGlyThrTrp AlaCysGlnL 102

AGCTCATCGC ~~G~~GCTGCCCAA GAAGCCCAGG CC~~G~~ACAGCCA GTCCCCCAAG 354 [A105A](#) [D113N](#)

ysLeuIleAl aAlaAlaGln GluAlaGlnA laAspSerGl nSerProLys 118

CT~~G~~CATGGCT GCTGGGACCC CCACTCGCTC CACCCAGCCC GAGACCTGCA 404 [L119L](#)

LeuHisGlyC ysTrpAspPr oHisSerLeu HisProAlaA rgAspLeuGl 135

GAGTCACC~~G~~G CCA~~G~~CCATTG TCAGGAGGCT CCACAGCCAT GTGGAGAACA 454 [R138Q](#) [A140T](#)

nSerHisArg ProAlaIleV aLArgArgLe uHisSerHis ValGluAsnM 152

TGCTG~~G~~ACCT~~I~~ GGCA~~T~~GGGAG CGGGGTTTCG TCAGCCAGTA TGAATGTGAT 504 [D154N](#) [L155Q](#) [W157R](#)

etLeuAspLe uAlaTrpGlu ArgGlyPheV aLSerGlnTy rGluCysAsp 168

GAAATCAGGT TGCCGATCTT CACACCGT~~C~~C CAGAGGGCAA GAAGGCTGCT 554 [S178S](#)

GluIleArgL euProIlePh eThrProSer GlnArgAlaA rgArgLeuLe 185

TGATCTTGCC A~~C~~GGTGAAAG CGAATGGATT GGCTGCCTT~~C~~ CTTCTACAAC 604 [T189M](#) [T189T](#) [F198L](#)

uAspLeuAla ThrValLysA laAsnGlyLe uAlaAlaPhe LeuLeuGlnH 202

ATGTTCAAGG ATTA~~C~~CAGTC CCATTGGC~~C~~C TGCCTTTGGA AGCTGCCACA 654 [P207A](#) [A211A](#)

isValGlnGl uLeuProVal ProLeuAlaL euProLeuGl uAlaAlaThr 218

TGCAAGAAGT ATATGGCCA~~A~~ GCTGAGGACC ACGGTGTCTG CT~~C~~AGTCT~~C~~G 704 [K225M](#) [Q233X](#) [R235C](#)

CysLysLysT yrMetAlaLy sLeuArgThr ThrValSerA laGlnSerAr 235

CTTCCTCAGT ACCTATGATG GAGCAGAGAC GCTCTGCCIG GAGGACATAT 754 [T245M](#) [L248R](#)

gPheLeuSer ThrTyrAspG lyAlaGluTh rLeuCysLeu GluAspIleT 252

ACACAGAGAA TGTCTGGAG GTCTGGGCAG ATGTGGGCAT GGCTGGA~~C~~CC 804 [P268S/SNP5](#)

yrThrGluAs nValLeuGlu ValTrpAlaA spValGlyMe tAlaGlyPro 268

CCGCAGAAGA GCCCAGCCAC CCTGGGCCTG GAGGAGCTCT TCAGCACCCC 854

ProGlnLysS erProAlaTh rLeuGlyLeu GluGluLeuP heSerThrPr 285

TGGC~~C~~ACCTC AATGAC~~G~~ATG ~~C~~GGACA~~C~~TGT GCTGGTGGTG GGTGAGG~~C~~GG 904 [H287Y](#) [N289S](#) [D291N](#) [A292V](#) [T294S](#) [V298V](#) [A301V](#)

oGlyHisLeu AsnAspAspA laAspThrVa lLeuValVal GlyGluAlaG 302

GCAGTGGCAA GAGCACGCTC CTGCAG~~C~~GGC TGCACTTGCT GTGGGCTGCA 954 [R311W](#)

lySerGlyLy sSerThrLeu LeuGlnArgL euHisLeuLe uTrpAlaAla 318

GGGCAAGACT TCCAGGAATT TCTCTTTGTC TTCCCATTC A GCTGC~~C~~GGCA 1004 [R334W](#) [R334Q](#)

GlyGlnAspP heGlnGluPh eLeuPheVal PheProPheS erCysArgGl 335

GCTGCAGTGC ATGGCCAAAC CACTCTCTGT GCGGACT~~C~~TA ~~C~~TCTTTGAGC 1054 [L348V](#) [L349F](#)

nLeuGlnCys MetAlaLysP roLeuSerVa lArgThrLeu LeuPheGluH 352

~~A~~CTGCTGTTG ~~G~~CCTG~~A~~TGTT GGTCAAGAAG AC~~A~~TCTTTCCA GTTACTCCTT 1104 [H352R](#) [W355X](#) [D357A](#) [I363F](#)

isCysCysTr pProAspVal GlyGlnGluA spIlePheGl nLeuLeuLeu 368

GAC~~C~~ACCCTG AC~~C~~GTGTCCT GTTAACCTTT GATGGCTTT~~G~~ A~~C~~GAGTTCAA 1154 [H343Y](#) [R373C](#) [D382N](#) [D382E](#) [E383K](#) [E383G](#)

AspHisProA spArgValLe uLeuThrPhe AspGlyPheA spGluPheLy 385

GTTCAGGTTT AC~~G~~G~~A~~T~~C~~GTG AAC~~G~~CCACTG CTCCC~~C~~GACC GACCCACCT 1204 [D390V](#) [R391C](#) [R393H](#) [P397L](#)

sPheArgPhe ThrAspArgG luArgHisCy sSerProThr AspProThrS 402

CTGTCCAGAC CCTGCTCTTC AACCTTCTGC AGGGCAACCT GCTGAAGAAT 1254 [N414S](#)

erValGlnTh rLeuLeuPhe AsnLeuLeuG lnGlyAsnLe uLeuLysAsn 418

GCCCGCAAGG TGGTGACCAG CCGTCCGGCC GCTGTGTCGG CGTTCCTCAG 1304 [R426H](#) [P427S](#) [P427P](#) [S431L](#) [A432V](#)

AlaArgLysV alValThrSe rArgProAla AlaValSerA laPheLeuAr 435

GAAGTACATC CGCACCGAGT TCAACCTCAA GGGCTTCTCT GAACAGGGCA 1354 [E441K](#)

gLysTyrIle ArgThrGluP heAsnLeuLy sGlyPheSer GluGlnGlyI 452

TCGAGCTGTA CCTGAGGAAG CGCCATCATG AGCCCGGGGT GGC GGACCGC 1404 [L456L](#) [R459R/SNP6](#) [P463A](#) [G464W](#) [R468C](#)

leGluLeuTy rLeuArgLys ArgHisHisG luProGlyVa lAlaAspArg 468

CTCATCCGCC TGCTCCAAGA GACCTCAGCC CTGCACGGTT TGIGCCACCT 1454 [L469E](#) [R471C](#) [T476P](#) [H480R](#) [G481D](#) [c.1447T>C](#) [C483W](#)

LeuIleArgL euLeuGlnGl uThrSerAla LeuHisGlyL euCysHisLe 485

GCCTGTCTTC TCATGGATGG TGTCCAAATG CCACCAGGAA CTGTTGCTGC 1504 [W490L](#) [W490S](#) [C495Y](#) [H496L](#) [E498](#) [L500delinsV](#) [E498D](#) [L501P](#)

uProValPhe SerTrpMetV alSerLysCy sHisGlnGlu LeuLeuLeuG 502

AGGAGGGGGG GTCCCAAAG ACCACTACAG ATATGTACCT GCTGATTCTG 1554 [E503E](#) [S506Pfs*11](#) [P507S](#) [T510I](#) [D512H](#) [D512Y](#) [D512V](#) [M513T](#) [M513R](#)

lnGluGlyGl ySerProLys ThrThrThrA spMetTyrLe uLeuIleLeu 518

CAGCATTTTC TGCTGCATGC CACCCCCCCA GACTCAGCTT CCCAAGGTCT 1604 [H520Y](#) [P527P](#)

GlnHisPheL euLeuHisAl aThrProPro AspSerAlaS erGlnGlyLe 535

GGGACCCAGT CTTCTTCGGG GCCGCCTCCC CACCCTCCTG CACCTGGGCA 1654 [R541fs](#) [R541W](#) [L550V](#)

uGlyProSer LeuLeuArgG lyArgLeuPr oThrLeuLeu HisLeuGlyA 552

GA**CTGGCTCT** GTGGGG**CCTG** GGCATGTGCT G**CT**ACGTGTT CTCAGCCCAG 1704 [558DELLG](#) [Y563H](#)
rgLeuAlaLe uTrpGlyLeu GlyMetCysC ysTyrValPh eSerAlaGln 568

CAGCTCCAGG CAGCACAGGT CAGCCCTGAT GACATTTCTC TTGGCTTCCT 1754
GlnLeuGlnA laAlaGlnVa lSerProAsp AspIleSerL euGlyPheLe 585

GGT**GCGT**GCC AAAGGTGTCTG TGCCAGGGAG TAC**G**GCGCCC CT**GGA**ATTCC 1804 [R587C](#) [R587R/SNP7](#) [T596T](#) [E600K](#) [E600A](#)
uValArgAla LysGlyValV alProGlySe rThrAlaPro LeuGluPheL 602

TT**CA**ATC**AC** TTTCCAGTGC TTCTTTG**CCG** **C**GTTCTACCT GGC**ACT**CAGT 1854 [H603R](#) [T605P](#) [T605N](#) [A611A](#) [A612T](#) [A612V](#)
euHisIleTh rPheGlnCys PhePheAlaA laPheTyrLe uAlaLeuSer 618

GCTGATGTGC CACCAGCTTT GCTCAGACAC CTCTTCAATT GTGGCAGGCC 1904
AlaAspValP roProAlaLe uLeuArgHis LeuPheAsnC ysGlyArgPr 635

AGGCAACTCA CCAATGGCCA GGCTCCTGCC CACGATGTGC ATCCAGGCCT 1954
oGlyAsnSer ProMetAlaA rgLeuLeuPr oThrMetCys IleGlnAlaS 652

CGGAGGGAAA GGACAGCAGC GTGGCAGCTT TGCTGCAGAA GGCC**GAGC****CG** 2004 [E667K](#) [P668L](#)
erGluGlyLy sAspSerSer ValAlaAlaL euLeuGlnLy sAlaGluPro 668

CACA**A****C**CTTC AGATCACAGC AGCCTT**C**CTG GCAGGGCTGT T**G**TCC**CG**GGA 2054 [N670K](#) [F677L](#) [L682F](#) [R684W](#) [R684Q](#)
HisAsnLeuG lnIleThrAl aAlaPheLeu AlaGlyLeuL euSerArgGl 685

GCACTGGGGC CTGCTGGCTG AGTGCCAGAC ATCTGAGAAG GCCCTGCT**C** 2104 [R702W/SNP8](#)
uHisTrpGly LeuLeuAlaG luCysGlnTh rSerGluLys AlaLeuLeuA 702

GGCGCCAGGC CTGTGCCCCG TGGTGTCTGG CCCGCAGCCT CCGCAAGCAC 2154 [R703C](#) [R713C](#) [R713H](#) [R716C](#)

rgArgGlnAl aCysAlaArg TrpCysLeuA laArgSerLe uArgLysHis 718

TTCCACTCCA TCCCGCCAGC TGCACCGGGT GAGGCCAAGA GCGTGCATGC 2204 [A725G](#) [P727L](#) [V733L](#)

PheHisSerI leProProAl aAlaProGly GluAlaLysS erValHisAl 735

CATGCCCGGG TTCATCTGGC TCATCCGGAG CCTGTACGAG ATGCAGGAGG 2254 [I740I](#)

aMetProGly PheIleTrpL euIleArgSe rLeuTyrGlu MetGlnGluG 752

AGCGGCTGGC TCGGAAGGCT GCACTGTGGC TGAATGTTGG GCACCTCAAG 2304 [A755V](#) [A758V](#) [R760C](#)

luArgLeuAl aArgLysAla AlaArgGlyL euAsnValGl yHisLeuLys 768

TTGACATTTT GCAGTGTGGG CCCCCTGAG TGTGCTGCCC TGGCCTTTGT 2354 [E778K](#)

LeuThrPheC ysSerValGl yProThrGlu CysAlaAlaL euAlaPheVa 785

GCTGCAGCAC CTCGGGCGGC CCGTGGCCCT GCAGCTGGAC TACAACTCTG 2404 [R790W](#) [R791W](#) [R791Q](#) [V793M](#)

lLeuGlnHis LeuArgArgP roValAlaLe uGlnLeuAsp TyrAsnSerV 802

TGGGTGACAT TGGCGTGGAG CAGCTGCTGC CTTGCCTTGG TGTCTGCAAG 2454 [V802V](#) [Q809K](#) [V816I](#)

alGlyAspI l eGlyValGlu GlnLeuLeuP roCysLeuGl yValCysLys 818

GCTCTGTATT TGCGCATAA CAATATCTCA GACCGAGGCA TCTGCAAGCT 2504 [D824N](#) [N825K](#)

AlaLeuTyrL euArgAspAs nAsnIleSer AspArgGlyI leCysLysLe 835

CAITGAATGT GCTCTTCACT GCGAGCAATT GCAGAAGTTA GCTCTATTCA 2554 [I836I](#) [C842Y](#) [E843K](#) [A849V](#)

uIleGluCys AlaLeuHisC ysGluGlnLe uGlnLysLeu AlaLeuPheA 852

ACAACAAATT GACTGACGGC TGTGCACACT CCATGGCTAA GCTCCTTGCA 2604 [N852S](#) [N853S](#) [M863V](#) [A864T](#)

snAsnLysLe uThrAspGly CysAlaHisS erMetAlaLy sLeuLeuAla 868

TGCAGGCAGA ACTTCTTGGC ATTGAGGCTG GGAATAACT ACATCACTGC 2654 [F873E](#) [A885T](#) [A885P](#)

CysArgGlnA snPheLeuAl aLeuArgLeu GlyAsnAsnT yrIleThrAl 885

CGCGGGAGCC CAAGTGCTGG CCGAGGGGCT CCGAGGCAAC ACCTCCTTGC 2704 [A886T](#) [R896X](#) [Q902K](#)

aAlaGlyAla GlnValLeuA laGluGlyLe uArgGlyAsn ThrSerLeuG 902

AGTTCCTGGG ATTCTGGGCGC AACAGAGTGG GTGACGAGGG GGCCCAGGCC 2754 [W907R](#) [G908R/SNP12](#) [G908C](#) [D913D](#) [E914K](#) [A918D](#)

lnPheLeuGl yPheTrpGly AsnArgValG lyAspGluGl yAlaGlnAla 918

CTGGCTGAAG CCTTGGGTGA TCACCAGAGC TTGAGGTGGC TCAGCCTGGT 2804 [G924D](#) [V935M](#)

LeuAlaGluA laLeuGlyAs pHisGlnSer LeuArgTrpL euSerLeuVa 935

GGGAACAAC ATTGGCAGTG TGGGTGCCCA AGCCTTGGCA CTGATGCTGG 2854 [I939V](#) [I939I](#)

lGlyAsnAsn IleGlySerV alGlyAlaGl nAlaLeuAla LeuMetLeuA 952

CAAAGAACGT CATGCTAGAA GAACTCTGCC TGGAGGAGAA CCATCTCCAG 2904 [V955I](#)

laLysAsnVa lMetLeuGlu GluLeuCysL euGluGluAs nHisLeuGln 968

GATGAAGGTG TATGTTCTCT CGCAGAAGGA CTGAAGAAAA ATTCAAGTTT 2954 [E970G](#) [V972I](#) [L975V](#) [L975L](#) [G978E](#)

AspGluGlyV alCysSerLe uAlaGluGly LeuLysLysA snSerSerLe 985

GAAATCCTG AAGTTGTCCA ATAACGTCAT CACCTACCTA GGGGCAGAAG 3004 [c.2998G>A](#)

uLysIleLeu LysLeuSerA snAsnCysIl eThrTyrLeu GlyAlaGluA 1002

CCCTCCTGCA GGCCCTTGAA AGGAATGACA CCATCCTGGA AGTCTGGCTC 3054 [1007FS/SNP13](#)

laLeuLeuGl nAlaLeuGlu ArgAsnAspT hrIleLeuGl uValTrpLeu 1018

CGAGGGAACA CTTTCTCTCT AGAGGAGGTT GACAAGCTCG GCTGCAGGGA 3104 R1019X R1019G R1019L
 ArgGlyAsnT hrPheSerLe uGluGluVal AspLysLeuG lyCysArgAs 1035

CACCAGACTC TTGCTTTGAA GTCTCCGGA GGATGTTTCGT CTCAGTTTGT *31 c.*9G>A
 pThrArgLeu LeuLeuStop

TTGTGAGCAG GCTGTGAGTT TGGGCCCCAG AGGCTGGGTG ACATGTGTTG *81
 GCAGCCTCTT CAAAATGAGC CCTGTCCTGC CTAAGGCTGA ACTTGTTTTTC *131
 TGGGAACACC ATAGGTCACC TTTATTCTGG CAGAGGAGGG AGCATCAGTG *181
 CCCTCCAGGA TAGACTTTTC CCAAGCCTAC TTTTGCCATT GACTTCTTCC *231
 CAAGATTCAA TCCCAGGATG TACAAGGACA GCCCCTCCTC CATAGTATGG *281
 GACTGGCCTC TGCTGATCCT CCCAGGCTTC CGTGTGGGTC AGTGGGGCCC *331
 ATGGATGTGC TTGTTAACTG AGTGCCTTTT GGTGGAGAGG CCCGGCCTCT *381 c.3498G>A
 CACAAAAGAC CCCTTACCAC TGCTCTGATG AAGAGGAGTA CACAGAACAC *431
 ATAATTCAGG AAGCAGCTTT CCCCATGTCT CGACTCATCC ATCCAGGCCA *481
 TTCCCCGTCT CTGGTTCCCTC CCCTCCTCCT GGACTCCTGC ACACGCTCCT *531
 TCCTCTGAGG CTGAAATTCA GAATATTAGT GACCTCAGCT TTGATATTTT *581
 ACTTACAGCA CCCCCAACC TGGCACCCAG GGTGGGAAGG GCTACACCTT *631
 AGCCTGCCCT CCTTTCCGGT GTTTAAGACA TTTTGGGAAG GGGACACGTG *681
 ACAGCCGTTT GTTCCCCAAG ACATTCTAGG TTTGCAAGAA AAATATGACC *731
 AACTCCAGC TGGGATCACA TGTGGACTTT TATTTCAGT GAAATCAGTT *781
 ACTCTTCAGT TAAGCCTTTG GAAACAGCTC GACTTTAAAA AGCTCCAAAT *831
 GCAGCTTTAA AAAATTAATC TGGGCCAGAA TTTCAAACGG CCTCACTAGG *881 *873C>T
 CTTCTGGTTG ATGCCTGTGA ACTGAACTCT GACAACAGAC TTCTGAAATA *931
 GACCCACAAG AGGCAGTTCC ATTTCAATTTG TGCCAGAATG CTTTAGGATG *981
TACAGTTATG GATTGAAAGT TTACAGGAAA AAAAATTAGG CCGTTCCTTC *1031 c.3505C>T *1030T>C
 AAAGCAAATG TCTTCCTGGA TTATTCAAAA TGATGTATGT TGAAGCCTTT *1081

GTAAATTGTC AGATGCTGTG CAAATGTTAT TATTTTAAAC ATTATGATGT *1131
GTGAAACTG GTTAATATTT ATAGGTCAC TTTGTTTACT GTCTTAAGTT *1181
TATACTCTTA TAGACAACAT GCCCGTGAAC TTTATGCTGT AAATAATCAG *1231 c.4323A>G
AGGGGAATAA ACTGTTGAGT CAAAA

***NOD2* (NM_022162.3) - cDNA + Protein - 2024-05-19**

