



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 281 409**

51 Int. Cl.:
C12N 15/70 (2006.01)
C07K 14/22 (2006.01)
C07K 19/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Número de solicitud europea: **01914109 .2**
86 Fecha de presentación : **28.02.2001**
87 Número de publicación de la solicitud: **1259627**
87 Fecha de publicación de la solicitud: **27.11.2002**

54 Título: **Expresión heteróloga de proteínas de *Neisseria*.**

30 Prioridad: **28.02.2000 GB 0004695**
13.11.2000 GB 0027675

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
01.10.2007

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
01.10.2007

73 Titular/es:
Novartis Vaccines and Diagnostics S.R.L.
Via Fiorentina 1
53100 Siena SI, IT

72 Inventor/es: **Arico, Maria, Beatrice;**
Comanducci, Maurizio;
Galeotti, Cesira;
Massignani, Vega;
Guiliani, Marzia Monica y
Pizza, Mariagrazia

74 Agente: **Carpintero López, Francisco**

ES 2 281 409 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Expresión heteróloga de proteínas de *Neisseria*.

5 **Campo técnico**

Esta invención corresponde al campo de la expresión de proteínas. En particular se refiere a la expresión heteróloga de proteínas de *Neisseria* (por ejemplo *N.gonorrhoeae* o, preferiblemente, *N. meningitidis*).

10 **Técnica anterior**

Las solicitudes de patente internacional WO 99/24578, WO 99/36544, WO 99/57280 y WO 00/22430 describen proteínas de *Neisseria meningitidis* y *Neisseria gonorrhoeae*. Típicamente estas proteínas se describen como expresadas en *E. coli* (esto es, expresión heteróloga) como fusiones GST N-terminales o fusiones His-tag C-terminales, aunque también se describen otros sistemas de expresión, incluida la expresión en *Neisseria* nativa. El documento FR-A-2720408 describe la producción heteróloga de una proteína de *N. meningitidis* en la que se ha suprimido al menos un dominio.

Es un objetivo de la presente invención proporcionar enfoques alternativos y mejorados para la expresión heteróloga de estas proteínas. Estos enfoques afectarán típicamente al nivel de expresión, la facilidad de purificación, la localización celular de expresión y/o las propiedades inmunológicas de la proteína expresada.

Descripción de la invención

25 La invención se refiere a la proteína "961" descrita en el documento WO 99/57280.

En esta memoria se usan las convenciones de denominación usadas en los documentos WO 99/24578, WO 99/36544 y WO 99/57280 (por ejemplo, "ORF4", "ORF40", "ORF40-I", etc., como las usadas en WO 99/24578 y WO 99/36544; "m919", "g919" y "a919", etc. usadas en el documento WO 99/57280.

30 La proteína preferida "961" de la invención se encuentra en el serogrupo B de *N. meningitidis*.

La proteína preferida "961" para uso de acuerdo con la invención es del serogrupo B de la cepa 2996 de *N. meningitidis* o de la cepa 394/98 (una cepa de Nueva Zelanda). A no ser que se indique lo contrario, las proteínas que se mencionan en esta memoria son de la cepa 2996 de *N. meningitidis*. Se apreciará, sin embargo, que en general la invención no está limitada por la cepa. Las referencias a una proteína particular (por ejemplo, "287", "919", etc.) se pueden tomar para incluir esa proteína de cualquier cepa.

Expresión basada en dominios

40 En este enfoque para la expresión heteróloga, la proteína 961 se expresa como dominios. Ésta se puede usar en asociación con sistemas de fusión (por ejemplo, fusiones GST o His-tag).

Así, la invención proporciona un procedimiento para expresión heteróloga de la proteína "961" de *N. meningitidis*, en el que

(a) la proteína "961" tiene la secuencia de aminoácidos "961" en la cepa MC58:

50 **MSMKHFPAKVLTTAILATFCSGALAATSDDDVKKAATVAIVAAYNNGQEINGFKAGETIYDIGE**
DGTITQKDATAADVEADDFKGLGLKKVVTNLTKTVNENKQNVQAKVKAEESEIEKLTTKLADTD
AALADTDAALDETTNALNKLGENITTFEETKTNIVKIDKLEAVADTVDKHAEAFNDIADSLD
ETNTKADEAVKTANEAKQTAETKQNVDAKVAETAAGKAEAAAGTANTAADKAEVAKAVTD
 55 **IKADIATNKADIAKNSARIDSLDKNVANLRKETRQGLAEQAALSGLFQPNVGRFNVTAAVGGY**
KSESAVAIGTGRFTENFAAKAGVAVGTSSGSSAAYHVGVNVEW

y en el que

60 (b) está suprimido al menos un dominio de la proteína en la que los dominios "961" en la cepa MC58 son como sigue: (1) aminoácidos 1-23; (2) aminoácidos 24-268; (3) aminoácidos 269-307, y (4) aminoácidos 308-364,

y en el que la proteína "961" se expresa en una célula hospedadora.

65 El procedimiento típicamente implica las etapas de: obtener ácido nucleico que codifica una proteína de la invención; manipular el mencionado ácido nucleico para eliminar al menos un dominio del interior de la proteína. El ácido

ES 2 281 409 T3

nucleico resultante se puede insertar en un vector de expresión o puede ser ya parte de un vector de expresión. Cuando no se usan partícipes de fusión, el primer aminoácido de la proteína expresada será el de un dominio de la proteína.

5 Típicamente, una proteína se divide en dominios conceptuales alineándola con secuencias conocidas de bases de datos y determinando luego regiones determinantes de la proteína que presentan diferentes configuraciones de alineamiento entre sí.

Una vez que una proteína se ha dividido en dominios, éstos se pueden (a) expresar individualmente, (b) suprimir de la proteína, por ejemplo proteína ABCD → ABD, ACD, BCD, etc., o (c) reordenar por ejemplo, proteína ABC → ACB, CAB, etc. Estas tres estrategias se pueden combinar con partícipes de fusión, si se desea.

Los dominios de la proteína 961 se ilustran en la Figura 12.

Proteínas híbridas

15 La proteína 961 puede ser parte de un híbrido de dos o más (por ejemplo, 3, 4, 5, 6 o más) proteínas de *Neisseria* expresada como proteína individual. Se prefiere usar un partícipe de fusión no neisserial (por ejemplo, GST o poli-His).

20 Esto ofrece dos ventajas. Primera, una proteína que pueda ser inestable o expresarse deficientemente en sí puede ser ayudada añadiendo un partícipe de fusión que eluda el problema. Segunda, la producción industrial se simplifica; sólo es necesario emplear una expresión y purificación para producir dos proteínas útiles separadamente.

Así, la invención proporciona un procedimiento para la expresión heteróloga simultánea de la proteína 961 con una o más proteínas de *Neisseria* en la que las mencionadas proteínas están fusionadas (esto es, se traducen como una cadena individual de polipéptido).

25 Típicamente, el procedimiento implicará las etapas de: obtener un primer ácido nucleico que codifica una primera proteína de la invención; obtener un segundo ácido nucleico que codifica una segunda proteína de la invención; ligar los ácidos nucleicos primero y segundo. El ácido nucleico resultante se puede expresar en un vector de expresión, o puede ser ya parte de un vector de expresión.

Preferiblemente, las proteínas constitutivas de una proteína híbrida de acuerdo con la invención serán de la misma cepa.

35 Las proteínas fusionadas en el híbrido se pueden unir directamente o se pueden unir a través de un péptido conector, por ejemplo, a través de un conector de poliglicina (esto es, G_n en el que n = 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más) o a través de una secuencia peptídica corta que facilita la clonación. Evidentemente se prefiere no unir una proteína ΔG al término C de un conector de poliglicina.

40 Las proteínas fusionadas pueden carecer de péptidos líder nativos o pueden incluir la secuencia de péptido líder del partícipe de fusión N-terminal.

Se prefieren los híbridos marcados X en la tabla siguiente para formar NH₂-A-B-COOH:

45

↓A	B→	ORF46.1	287	741	919	953	961	983
	ORF46.1						X	
	287						X	
	741						X	
	919						X	
	953						X	
	961	X	X	X	X	X		X
	983						X	

60

65 Las proteínas preferidas a ser expresadas como híbridos con la proteína "961" son así ORF46.1, 287, 741, 919, 953 y 983. Éstas se pueden usar en su forma de longitud sustancialmente entera, o se pueden usar las formas con supresión de poliglicina (ΔG) (por ejemplo, ΔG-287, ΔGTbb2, ΔG741, ΔG983, etc.), o formas truncadas (Δ1-287, Δ2-287, etc), o versiones de dominio suprimido (por ejemplo, 287B, 287C, 287BC, ORF46₁₋₄₃₃, ORF₄₃₃₋₆₀₈, ORF46, 961c, etc).

ES 2 281 409 T3

Cuando se usa 287, preferiblemente está en el extremo C-terminal; si se ha de usar en el término N, se prefiere usar una forma ΔG de 287 (por ejemplo, como el término N de un híbrido con 961).

Cuando se usa 287, preferiblemente es de la cepa 2996 o de la cepa 394/98.

Preferiblemente, 961 está en el término N. Preferiblemente, en tales híbridos se usan las formas de dominio de 961.

Los alineamientos de formas polimórficas de ORF46, 287, 919 y 953 se describen en el documento WO 00/66741. Se puede usar de acuerdo con la presente invención cualquiera de estos polimorfos.

Hospedador heterólogo

Si bien la expresión de la proteína 961 o su híbrido puede tener lugar en el hospedador nativo (esto es, el organismo en el que la proteína se expresa naturalmente), la presente invención utiliza un hospedador heterólogo. El hospedador heterólogo puede ser procariótico o eucariótico. Preferiblemente es *E. coli*, pero entre otros hospedadores adecuados están incluidos *Bacillus subtilis*, *Vibrio cholerae*, *Salmonella typhi*, *Salmonella typhimurium*, *Neisseria meningitidis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria lactamica*, *Neisseria cinerea*, *Mycobacteria* (por ejemplo, *M. tuberculosis*), levadura, etc.

Vectores, etc

Además de los procedimientos descritos antes, la invención proporciona (a) ácido nucleico y vectores útiles en estos procedimientos, (b) células hospedadoras que contienen los mencionados vectores, (c) proteínas expresadas o expresables por los procedimientos, (d) composiciones que comprenden estas proteínas, que pueden ser adecuadas como vacunas, por ejemplo, o como reactivos diagnósticos, (e) estas composiciones para uso como medicamentos (por ejemplo, vacunas), (f) el uso de estas composiciones en la fabricación de (1) un medicamento para tratar o prevenir una infección debida a bacterias *Neisseria*, (2) un reactivo diagnóstico para detectar la presencia de bacterias *Neisseria* o de anticuerpos generados contra bacterias *Neisseria*, y/o (3) un reactivo que puede generar anticuerpos contra bacterias *Neisseria* y (g) un procedimiento para tratar un paciente, que comprende administrar al paciente una cantidad terapéuticamente eficaz de estas composiciones.

Secuencias

La invención proporciona también una proteína o un ácido nucleico que tiene cualquiera de las secuencias que se presentan en los ejemplos siguientes. También proporciona proteínas y ácido nucleico que tienen identidad de secuencia con las anteriores. Como se ha descrito antes, el grado de identidad de la secuencia es mayor que 50% (por ejemplo, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% o más).

Además, la invención proporciona ácido nucleico que puede hibridizar con el ácido nucleico descrito en los ejemplos, preferiblemente en condiciones de "alta rigurosidad" (por ejemplo, 65°C en una solución 01xSSC, 05% de SDS).

La invención también usa ácido nucleico que codifica proteínas usadas en la invención.

Debe apreciarse también que la invención proporciona ácido nucleico que comprende secuencias complementarias de las descritas antes (por ejemplo, de antisentido o a fines de sonda).

El ácido nucleico de acuerdo con la invención se puede preparar, obviamente, de varias maneras (por ejemplo, por síntesis química, a partir de bibliotecas genómicas o de cDNA, a partir del propio organismo, etc.) y puede tomar varias formas (por ejemplo, de cadena simple, cadena doble, vectores, sondas, etc.).

Además, el término "ácido nucleico" incluye DNA y RNA y también sus análogos, tales como los que contienen espinazos modificados, y también ácidos nucleicos peptídicos (PNA) etc.

Breve descripción de los dibujos

La Figura 4 presenta datos de expresión para la proteína 961.

La Figura 12 presenta dominios de la proteína 961.

La Figura 14 presenta 26 proteínas híbridas de acuerdo con la invención.

Modos de practicar de la invención

Ejemplo 5

5 *Vectores 5-psM214 y pET-24b*

La proteína 953 con su péptido líder nativo y sin partícipes de fusión se expresó a partir del vector pET y también de pSM214 [Velati Bellini y otros, (1991), J. Biotechnol. 18, 177-192].

10 La secuencia de 953 se clonó como gen de longitud total en pSM214 usando la cepa MM294-1 de *E. coli* como hospedador. Para hacerlo, se amplificó por reacción en cadena de polimerasa (PCR) la secuencia entera de DNA del gen de 953 /de ATG al codón STOP) usando los cebadores siguientes:

15 **953L para/2 CCGGAATTCTTATGAAAAAATCATCTTCGCCGC Eco RI**
953L rev/2 GCCCAAGCTTTTATTGTTTGGCTGCCTCGATT Hind III

20 que contienen los sitios de restricción EcoRI y HindIII, respectivamente. El fragmento amplificado se digirió con ECORI y HindIII y se ligó con el vector pSM214 digerido con las mismas dos enzimas. El plásmido ligado se transformó en células MM294-1 de *E. coli* (por incubación en hielo durante 65 min a 37°C) y las células bacterianas se cultivaron en agar LB que contenía 20 µg/ml de cloranfenicol.

25 Se hicieron crecer colonias recombinantes durante la noche, a 37°C en 4 ml de caldo LB que contenía 20 µg/ml de cloranfenicol; se centrifugaron las células microbianas y se extrajo DNA del plásmido y se analizó por restricción con EcoRI y HindIII. Para analizar la capacidad de las colonias recombinantes de expresar la proteína, se inocularon con caldo de LB que contenía 20 µg/ml de cloranfenicol y se dejaron crecer durante 16 horas a 37°C. Se centrifugaron las células bacterianas y ase pusieron en suspensión PBS. La expresión de la proteína se analizó por SDS-PAGE y tinción con azul Coomassie.

Los niveles de expresión fueron inesperadamente altos desde el plásmido pSM214.

Los oligonucleótidos usados para clonar secuencias de “961” en vectores pSM214 fueron los siguientes:

35

40	961L	Fwd	CCGGAATTCATATG-AAACACTTTCCATCC	EcoRI
	(pSM-214)	Rev	GCCCAAGCTT-TTACCACTCGTAATTGAC	HindIII
45	961	Fwd	CCGGAATTCATATG-GCCACAAGCGACGAC	EcoRI
	(pSM-214)	Rev	GCCCAAGCTT-TTACCACTCCACTCGTA	HindIII
50	961c L	Fwd	CCGGAATTCATTATG-AAACACTTTCCATCC	EcoRI
	pSM-214	Rev	GCCCAAGCTT-TCAACCCACGTTGTAAGGTTG	HindIII
55	961c	Fwd	CCGGAATTCATTATG-GCCACAAACCACGACG	EcoRI
	pSM-214	Rev	GCCCAAGCTT-TCAACCCACGTTGTAAGGTTG	HindIII

Estas secuencias se manipularon, clonaron y expresaron como se ha descrito para 953L.

55 Para el vector pET-24, se clonaron las secuencias y las proteínas se expresaron en pET-24 como se describe más adelante para pET21. pET2 tiene la misma secuencia que pET-21, pero con la casete de resistencia a la kanamicina en vez de la casete de ampicilina.

60 Los oligonucleótidos usados para clonar secuencias en el vector pET24b fueron las siguientes:

65

ES 2 281 409 T3

5	961 K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAACGACGACGA	Ndel
	(MC58)	Rev	CCCCTCGAG-TTACCACTCGTAATTGAC	XhoI
10	961a K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAACGACG	Ndel
		Rev	CCCCTCGAG-TCATTTAGCAATATTATCTTTGTTT	XhoI
15	961b K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-AAAGCAAACAGTGCCGAC	Ndel
		Rev	CCCCTCGAG-TTACCACTCGTAATTGAC	XhoI
20	961c K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAACGACG	Ndel
		Rev	CCCCTCGAG-TTAACCCACGTTGTAAGGT	XhoI
25	961cL K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-ATGAAACACTTTCCATCC	Ndel
		Rev	CCCCTCGAG-TTAACCCACGTTGTAAGGT	XhoI
30	961d K	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAACGACG	Ndel
		Rev	CCCCTCGAG-TCAGTCTGACACTGTTTTATCC	XhoI

* Este cebador se usó como cebador inverso para todas las 287 formas

** Cebadores de avance usados en combinación con el cebador inverso ΔG278 K.

Ejemplo 9

Proteína 961

La proteína 961 entera de *N. meningitidis* (serogrupo B, cepa MC58) tiene la siguiente secuencia:

```

1  MSMKHFPAKV LTTAILATEFC SGALAATSDD DVKKAATVAI VAAYNQQL
51 NGFKAGETIY DIGEDGTITQ KDATAADVEA DDFKGLGLKK VVTNLTKTVN
101 ENKQNVDAKV KAESEIEKL TKLADTDA LADTDAALDE TTNALNKLGE
151 NITFAEETK TNIVKIDKEL EAVADTVQKH AEAFNDIADS LDETNTKADE
201 AVKTANEAKQ TAEETKQNV AKVKAETAA GKAEAAAGTA NTAADKAEAV
251 AAKVTDIKAD IATNKADIAK NSARIDSLDK NVANLRKETR OGLAEQPAIS
301 GLEQFYNVGR FNVFAAVGGY KSESVAVIGT GFRFTENFAA KAGVAVGTSS
351 GSSAAYHVG NYEW*

```

La secuencia líder del péptido está subrayada.

Se usaron tres enfoques a la expresión de 961:

- (1) usando una proteína de fusión de GST, según WO 99/57280 ("GST961")
- (2) 961 con su propia secuencia líder pero sin partícipe de fusión ("961L"), y
- (3) 961 sin su secuencia líder y sin partícipe de fusión ("961^{no etiquetada}"), con la frecuencia líder omitida por diseñar el cebador de PCR del extremo 5' aguas abajo de la secuencia líder prevista.

Se expresaron las tres formas de la proteína. Se pudo purificar la proteína de fusión GST y los anticuerpos contra ella confirmaron que 961 es de superficie expuesta (Figura 4). La proteína se usó para inmunizar ratones y los sueros resultantes dieron excelentes resultados en el ensayo bactericida. También se pudo purificar 961L y dio títulos por ELISA muy altos.

Parece que la proteína 961 es de fase variable. Además, no se encuentra en todas las cepas de *N. meningitidis*.

Ejemplo 22

Dominios en 961

Como se ha descrito en el ejemplo 7 anterior, la fusión GST de 961 se expresó óptimamente en *E. coli*. Para mejorar la expresión, la proteína se dividió en dominios. (Figura 12).

ES 2 281 409 T3

Los dominios de 961 se diseñaron sobre la base de YadA (una adhesina producida por *Yersinia* que se había demostrado que es una adhesina localizada sobre la superficie bacteriana que forma oligómeros que generan proyección de la superficie [Hoiczky y otros (2000). EMBO J. 19:5989-99]) y son: péptido líder, dominio de cabecera, región de la bobina enrollada (tronco) y dominio de anclaje de membrana. Estos dominios se expresaron con o sin péptido líder y opcionalmente se fusionaron a His-tag C-terminal o GST N-terminal. Los clones de *E. coli* que expresaban diferentes dominios de 961 se analizaron por SDS-PAGE y transferencia western para la producción y localización de la proteína expresada, desde cultivo durante la noche (o/n) o después de 3 horas de inducción con IPTG. Los resultados fueron:

	Lisado total (transf. western)	Periplasma (transf. western)	Sobrenadante (transf. western)	OMV SDS-PAGE
961 (o/n)	-	-	-	
961 (IPTG)	+/-	-	-	
961-L (o/n)	+	-	-	+
961-L (IPTG)	+	-	-	+
961c-L (o/n)	-	-	-	
961c-L (IPTG)	+	+	+	
961 Δ_1 -L(o/n)	-	-	-	-
961 Δ_1 -L (IPTG)	+	-	-	+

Los resultados revelan que, en *E. coli*:

- 961-L se expresa altamente y se localiza en la membrana exterior. Por análisis de transferencia western se han detectado dos bandas específicas: una a ≈ 45 kDa (el peso molecular previsto) y una a ≈ 180 kDa, lo que indica que 961-L puede formar oligómeros. Además, estos agregados se expresan más en el cultivo nocturno (sin inducción por IPTG). Se usaron preparaciones de OMV de este clon para inmunizar ratones y se obtuvo suero. Usando cultivo nocturno (predominantemente en forma oligómera), el suero era bactericida; el cultivo inducido por IPTG (predominantemente monómero) no era bactericida;

- 961 Δ_1 -L (con supresión parcial en la región de anclaje) se expresa altamente y se localiza en la membrana exterior, pero no forma oligómeros;

- el 961c-L (sin la región de anclaje) es produce en forma soluble y se exporta al material sobrenadante.

Los títulos en ELISA y el ensayo bactericida en suero usando fusiones His fueron los siguientes:

	ELISA	Bactericida
961a (aa 24-268)	24397	4096
961b (aa 269-405)	7763	64
961 c-L	29770	8192
961 c (2996)	30774	>65536
961 c (MC58)	33437	16384
961 d	26069	>65536

Se usaron clones de *E. coli* que expresan diferentes formas de 961 (961, 961-L, 961 Δ_1 L y 961c-L) para investigar si 961 es una adhesina (c.f. YadA). Se hizo un ensayo de adhesión usando (a) las células epiteliales humanas y (b) clones de *E. coli* después de cultivo nocturno o 3 horas de inducción por IPTG. 961-L crecido durante la noche (961 Δ_1 -L) y 961c-L (los clones que expresan proteína sobre la superficie) se adhieren a células epiteliales humanas.

ES 2 281 409 T3

También se usó 961c en proteínas híbridas (véase antes). Como 961 y sus variantes de dominio dirigen la expresión eficiente, son idealmente adecuadas como porción N-terminal de un proteína híbrida.

Ejemplo 23

Otros híbridos de la proteína 961

Seguidamente es presentan otras proteínas híbridas de la invención (véase también la Figura 14). Éstas son ventajosas cuando se comparan con proteínas individuales

961-ORF46.1

```

1   ATGGCCACAA ACGACGACGA TGTTAAAAAA GCTGCCACTG TGGCCATTGC
51  TGCTGCCTAC AACAAATGGCC AAGAATCAA CGGTTTCAAA GCTGGAGAGA
101 CCATCTACGA CATTGATGAA GACGGCACAA TTACCAAAA AGACGCAACT
151 GCAGCCGATG TTGAAACCGA CGACTTTAAA GGTCTGGGTC TGAAAAAAGT
201 CGTGAATAAC CTGACCAAAA CCGTCAATGA AAACAACAA AACGTGCGATG
251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAATAG AAAAGTTAAC AACCAASTTA
301 GCAGACACTG ATGCGCTTT AGCAGATACT GATGCGCTC TGGATGCAAC
351 CACCAACGCC TTGAATAAAT TGGGAGAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATTGATG AAAAATTAGA AGCCGTGGCT
451 GATACCGTCG ACAAGCATGC CGAAGCATT C AACGATATCG CCGATTCAAT
501 GGATGAAACC AACACTAAGG CAGACGAAGC CGTCAAACC GCCAATGAAG
551 CCAAACAGAC GGCCGAAGAA ACCAAACAAA ACCTCGATGC CAAGTAAAA
601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCGCTG GCACAGCTAA
651 TACTGCAGCG GACAAAGCCG AAGCTGTGCG TGCAAAAGTT ACCGACATCA
701 AAGCTGATAT CGCTACGAAC AAAGATAATA TTGCTAAAAA AGCAAACAGT
751 GCGACGCTGT ACACCAAGAA AGAGTCTGAC AGCAAATTTG TCAGAATTGA
801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATTGGA CACACGCTT GCTTCTGCTG
851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTCGCC TGAACGGTTT GGATAAAACA
901 GCTTCAGACC TGCCCAAGA AACCCGCCAA GGCCTTGCCG AACAAAGCCG
951 TGTCTCCGAT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTCCGFTT AATGTAACGG
1001 CTGCAGTCGG CCGCTACAAA TCCGAATCGG CAGTCGCCAT CCGTACCGGC
1051 TTCGCTTTA CCGAAACTT TGCCGCCAAA GCAGGCGTGG CAGTCGGCAC
1101 TTCCTCCGCT TCTTCCGCG CTTACCATGT CCGCGTCAAT TACGAGTGGG
1151 GATCCGGAGG AGGAGGATCA GATTTGGCAA ACGATTCTTT TATCCGGCAG
1201 GTTCTCGACC GTCAGCATT CGAACCOCAC GGGAAATACC ACCTATTCCG
1251 CAGCAGGGGG GAACTTGCCG AGCGCAGCCG CCATATCGGA TTGGGAAAAA
1301 TACAAAGCCA TCAGTTGGGC AACCTGATGA TTCAACAGGC GGCCATTAAA
1351 GGAATATCG GCTACATTGT CCGCTTTTCC GATCACGGC ACGAAGTCCA
1401 TTCCCCCTTC GACAAACATG CCTCACATT C GATTCTGAT GAAGCCGGTA
1451 GTCCCGTTGA CCGATTAGC CTTACCGCA TCCATTGGGA CCGATACGAA
1501 CACCATCCG CCGACGGCTA TGACGGGCCA CAGGGCGCG GCTATCCCGC
1551 TCCCAAAGGC GCGAGGGATA TATACAGCTA CGACATAAAA GCGTGTGCC
1601 AAAATATCCG CCTCAACCTG ACCGACAACC GCAGCACCGG ACAACGGCTT
1651 GCGGACCGTT TCCACAATGC CGGTAGTATG CTGACGCAG GAGTAGGCCA
1701 CCGATTCAA CCGGCCACCC GATACAGCCC CGAGCTGCAC AGATCGGGCA
1751 ATGCCGCCGA AGCCTCAAC GGCCTGCAG ATATCGTTAA AAACATCATC
1801 GCGCGGCCAG GAGAAATTGT CCGCGCAGGC GATGCGGTG AGGCATAGG
1851 CGAAGGCTCA ALCATTGCTG TCATGCACGG CTTGGGTCTG CTTTCCACCG
1901 AAAACAAGAT GGCGGCATC AACGATTTGG CAGATATGCC GCAACTCAA

```


ES 2 281 409 T3

1951 GACTATGCCG CAGCAGCCAT CCGCGATTGG GCAGTCCAAA ACCCCAATGC
 2001 CGCACAGGC ATAGAGCCG TCAGCAATAT CTTTATGGCA GCCATCCCA
 2051 TCAAAGGGAT TGGAGCTGTT CGGGAAAAAT ACGGCTTGGG CGGCATCAGG
 2101 GCACATCCTA TCAAGCGGTC GCAGATGGGC GCGATCGCAT TGCCGAAGG
 2151 GAAATCCGCC GTCAGCGACA ATTTTCCCGA TCCGGCATAC GCCAAATACC
 2201 CGTCCCCTTA CCATTCCCGA AATAFCCGTT CAAACTTGA GCAGCGTTAC
 2251 GGCAAAGAAA ACATCACCTC CTCAACCGTG CCGCCGTCAA ACGGCAAAAA
 2301 TGTCAAAC TGACAGCAAC GCCACCCGAA GACAGGCGTA CCGTTTGACG
 2351 GTAAAGGGTT TCCGAATTTT GAGAAGCAGG TGAATATGA TACGCTCGAG
 2401 CACCACCACC ACCACCCTG A

1 MATNDDVVK AATVAIAAAY NNGQEINGFK AGEFTYDIDE DGTITTKDAT
 51 AADVEADDFK GLGLKVVVFN LTKTVNEMKQ NVDKVKAAE SEIBKLTFL
 101 ADTDAALADT DAALDATFA LNKLGRENITT FAEFTKTNIV KIDEKLEAVA
 151 DTVDKHAFAF NDIADSLDET NTKADEAVET ANEAKQTAE TKQNVDAKVK
 201 AAETAAGKAE AAAGTAMTAA DKAEVAKV TDIKADIATN KDLIAKANS
 251 ADVYTRKSD SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAEKSLADH DTRLNGLDKT
 301 VSDLRKTRQ GLAEQAALSG LPQPYNVGRF NVTAAVGGYK SESAVAIGTG
 351 FRFTENFAAK AGVAVGTSSG SSAAYHVGVN YEWGSGGGGS DLANSEFIRQ
 401 VLDRQHFPD GKYHLFGSRG ELAERSGHIG LGKIQSHQLG NLMIQQAAL
 451 GNIGYVRFPS DEGHEVHSPF DMHASHSDSD EAGSPVDGFS LYRIHWGXYE
 501 HHPADGYDGP QGGYPAPKG ARDIYSYDIK GVACNIRLNL TDRSTGQRL
 551 ADRFEMAGSM LTQGVGDGPK RATRYSPELD RSGNAREAFN GTADIVKNI
 601 GAAGEIVGAG DAVQGISSEGS NIAVMHGLGL LSTENKHARI NDLADMAQLK
 651 DYAAAIRDW AVCHPMAAQG IEAVSNIFMA AIPKIGIGAV RGKYGLGGIT
 701 AHPIKRSQMG AIALPKGKSA VSDNFADAAK AKYPSFYHSR NIRSNNLQRY
 751 GKENITSSIV PPSNGKIVKL ADQRHPKTGV PFDGKGFNPF EKHVKYDYLE
 801 HHHHHH*

961-741

1 ATGGCCACAA ACGACGACGA TGTTAAAAAA GCTGCCACTG TGGCCATTCG
 51 TGCTGCCTAC AACCAATGGCC AAGAAATCAA CGTTTCAA GCTGGAGAGA
 101 CCATCTACGA CATTTGATGAA GACGGCACAA TTACCAAAAA AGACGCAACT
 151 GCAGCCGATG TTGAAGCCGA CGACTTTAAA GGTCTGGGTC TGAAAAAAGT
 201 CGTGACTAAC CTGACCAAAA CCGTCAATGA AAACAACAA AACGTCCATG
 251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAAATAG ABAAGTTAAC AACCAAGTTA
 301 GCAGACACTG ATGCCGCTTT AGCAGATACT GATGCCGCTC TGGATGCAAC
 351 CACCAACGCC TTGAATAAAT TGGGAGAAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
 401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATTGATG AAAAATTAGA AGCCGTGGCT
 451 GATACCGTCG ACAAGCATGC CGAAGCATTC AACGATATCG CCGATTCATT
 501 GGATGAAACT AACACTAAGG CAGACGAAGC CGTCAAAACC GCCAATGAAG
 551 CCAAACAGAC GGCCGAAGAA ACCAAACAAA ACGTCGATGC CAAAGTAAAA
 601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCCGCTG GCACAGCTAA
 651 TACTGCAGCC GACAAAGCCG AAGCTGTCCG TGCAAAAGTT ACCGACATCA
 701 AAGCTGATAT CGTACGAAC AAAGATAATA TTGCTAAAAA AGCAAACAGT
 751 GCCGACGTF ACACCAGAGA AGAGTCTGAC AGCAAATTTG TCAGAATTGA
 801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATTGGA CACACGCTTG GCTTCTGCTG
 851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTCGCC TGAACGGTTT GGATAAAAA
 901 GTGTCAAGCC TGCGCAAAGA AACCCGCCAA GGCCTTGCAG AACAAAGCCG
 951 GCTCTCCGGT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTCCGGTC AATGTAACGG
 1001 CTGCAGTCGG CCGCTACAAA TCCGAATCGG CAGTCGCCAT CCGTACCGGC
 1051 TTCCGCTTTA CCGAAAACCT TCCCGCCAAA GCAGGCGTGG CAGTCCGGAC
 1101 TTCGTCCGGT TCTTCCGCG CTTACCATGT CCGCGTCAAT TACGAGTGGG
 1151 GATCCGGAGG GGGTGGTGTG CCGCGCGACA TCGGTCCGGG GCTTGCAGAT
 1201 GCACTAACC GACCCCTCGA CCATAANGAC AAAGGTTTGC AGTCTTTGAC
 1251 GCTGGATCAG TCCGTCAGGA AAAACGAGAA ACTGAAGCTG GCGGCACAAG
 1301 GTGCGGAAAA AACTFATGGA AACGGTGACA GCCTCAATAC GGGCAAATTG
 1351 AAGAACGACA AGGTACAGCCG TTTCGACTTT ATCCGCCAAA TCGAAGTGA
 1401 CGGCGAGCTC ATTACCTTGG AGAGTGGAGA GTTCCAAGTA TACAACAAA
 1451 GCCATTCGCG CTTAACCGCC TTTCAGACCG AGCAAATACA AGATTCGGAG
 1501 CATTCGGGGA AGATGGTTGC GAAACGCCAG TTCAGAATCG GCGACATAGC
 1551 GGGCGAACAT ACATCTTTTG ACAAGCTTCC CGAAGGCCGC AGGGCGACAT
 1601 ATCGCGGGAC GCGTTCGGT TCAGACGATG CCGCGCGAAA ACTGACCTAC
 1651 ACCATAGATP TCGCCGCCAA GCAGGGAAAC GGCAAAATCG AACATTTGAA
 1701 ATCGCCAGAA CCAATGTCTG ACCTGGCCGC CGCCGATATC AAGCCGGATG
 1751 GAAAACGCCA TGCCGTCATC AGCGGTTCCG TCCTTTACAA CCAAGCCGAG
 1801 AAAGGCAGTT ACTCCCTCGG TATCTTTGGC GGAAAAGCCC AGGAAGTTGC

ES 2 281 409 T3

1851 CGGCAGCGCG GAAGTGA AAA CCGTAAACGG CATAACGCCAT ATCGGCCTTG
 1901 CCGCCAGCA ACTCGAGCAC CACCACCACC ACCACTGA

5 1 MATKDDVVK AATVAIAAAAY NMQQRINGFK AGETIYDIDE DGTITKRDAT
 51 AADVEADDFK GLGLKVVVN LTKTVNENKQ NVDKVKAAE SBIEKLTTKL
 101 ADTDAALADT DAALDATMA LKLLGENITT FAKETKIV KIDEKLEAVA
 151 DTVDKHAEP NDIADSLDET NTKADRAVKT ANBAKQFAE TKQWVDAVK
 201 AAFYAAGKAE AAAGTANTAA DKABAVAAKV TDIKADIATN KDNIAKANS
 10 251 ADVYTRRESK SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAKSIADI DTRLNGLDKT
 301 VSDLRFKETRQ GLABQAALSG LFQFYNVGRF NVTAAVGGYK SESAVAIGTG
 351 FRFTENFAAK AGVAVGTSSG SSAAYHVGVN YEWGSGGGGV AADIGAGLAD
 401 ALTAPLDEKD KGLQSLTLDQ SVRKNEKLLK AAQGAERTYK NGOSLNTGKL
 451 KNDKVSRLFDF IRQIEVDGQL ITLESGEPOV YKQSHSALFA FQTBQIQDSE
 15 501 HSGRMVAKRQ FRIGDLAGEH TSPDKLPEGG RATYRGTAPG SDDAGGKLTG
 551 TIDFAAKQGN GKIRHLKSPK LNVDLAAADI KPDGKRHAVI SSVLYMQAE
 601 KGSYSLGIFG GKAEVAGSA EVKTVNGIRH IGLAAKQLEH HHHH*

961-983

20 1 ATGCCACAA ACGACGACGA TGTAAAAAA GCTGCCACTG TGGCCATTGC
 51 TGCTGCCTAC AACAAATGCC AAGAAATCAA CGGTTTCAAA GCTGGAGAGA
 101 CCATCTACGA CATTGATGAA GACGGCACA TTAACAAAA AGACCCAAT
 151 GCAGCCGATG TTGAAGCCGA CGACTTAAA GGTCTGGGTC TGA AAAAAGT
 201 CGTGACTAAC CTGACCAAAA CCGTCAATGA AAACAAACA AACGTGATG
 25 251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAAATAG AAAAGTTAC AACCAAGTTA
 301 GCAGACACTG ATGCCCGCTT AGCAGATACT GATGCCGCTC TGGATGCAAC
 351 CACCAACGCC TTGAATAAAT TGGGAGAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
 401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATGATG AAAAATTAGA AGCCGTGCT
 451 GATACCGTCG ACAAGCATGC CGAAGCATTC AACGATATCG CCGATTCATT
 30 501 GGATGAAACC AACACTAAGG CAGACGAAGC CGTCAAAACC GCCAATGAAG
 551 CCAAACAGAC GCGCGAAGAA ACCAAACAAA ACCTCGATGC CAAAGTAAA
 601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCCGCTG GCACAGCTAA
 651 TACTGCAGCC GACAAAGCCG AAGCTGTGCG TGCAAAAAGT ACCGACATCA
 701 AAGCTGATAT CGCTACGAAC AAAGATAATA TTGCTAAAA AGCAAACAGT
 35 751 GCCGACGCTG ACACCAGAGA AGAGTCTGAC AGCAAATTTG TCAGAAATGA
 801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATGGA CACACGCTTG GCTTCTCTG
 851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTCGCC TGAACGGTTT GGATAAAACA
 901 GTGTCAGACC TGCGCAAAGA AACCCGCCAA GGCCTTGCG AGCAAACCGC
 951 GCTCTCCGGT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTCCGGTC AATGTAACGG
 40 1001 CTGCAGTCGG CGGCTACAAA TCCGAATCGG CAGTCCGCAT CCGTACCGGC
 1051 TTCCGCTTTA CGAAAACCT TGCCGCCAAA GCAGGCGTGG CAGTCCGCAC
 1101 TTGCTCCGGT TCTTCCGCG CCTACCATGT CCGCGTCAAT TACGAGTGGG
 1151 GATCCGGCGG AGGCGGCACT TCTGCGCCCG ACTTCAATGC AGGCGGTACC
 1201 GGTATCGGCA GCAACAGCAG AGCAACAACA GCGAAATCAG CAGCAATATC
 45 1251 TTACGCCGGT ATCAAGAAGC AAATGTGCAA AGACAGAAGC ATGCTCTGTG
 1301 CCGGTCGGGA TGACGTTGCG GTTACAGACA GGGATGCCAA AATCAATGCC
 1351 CCCCCCCGA ATCTGCATAC CGGAGACTTT CCAAACCCAA ATGACGCATA
 1401 CAAGAAFTTG ATCAACCTCA AACCTGCAAT TGAAGCAGGC TATACAGGAC
 1451 GCGGGGTAGA GGTAGGTATC GTCGACACAG GCGAATCCGT CCGCAGCATA
 50 1501 TCCTTTCCCG AACTGTATGG CAGAAAAGAA CACGGCTATA ACGAAAATTA
 1551 CAAAACTAT ACGCGTATA TCGGAAGGA AGCGCTGAA GACGGAGGGC
 1601 GTAAAGACAT TGAAGCTTCT TTCGACGATG AGGCCGTAT AGAGACTGAA
 1651 GCAAAGCCGA CGGATATCCG CCACGTAAA GAAATCGGAC ACATCGATTT
 1701 GGTCTCCCAT APTATTGGCG GCGGTTCCGT GGACGGCAGA CCTGCAGGGC
 55 1751 GTATTGCCCC CGATGCGACG CTACACATA TGAATACGAA TGAATGAAAC
 1801 AAGAAGGAAA TGATGGTTGC AGCCATCCGC AATGCATGGG TCAAGCTGGG
 1851 CGAACGTGGC GTGCGCATCG TCAATAACAG TTTTGGACA ACATCGAGGG
 1901 CAGGCACTGC CGACTTTTC CAAATAGCCA ATTCGAGGA GCAGTACCBC
 1951 CAAGCCTGC TCGACTATC CCGCGGTGAT AAAACAGACG AGGCTATCCG
 2001 CCTGATGCAA CAGAGCGATT ACGCAACCT GTCCTACCAC ATCCGTAATA
 60 2051 AAAACATGCT TTTTATCTTT TCGACAGGCA ATGACGCACA AGCTCAGCCC
 2101 AACACATATG CCTTATTGCC ATTTTATGAA AAAGACGCTC AAAAAGGCAT
 2151 TATCACAGTC GCAGGCGTAG ACCGCACTGG AGAAAAGTTC AAACGGGAAA
 2201 TGTATGGAGA ACCGGGTACA GAACCGCTTG AGTATGGCTC CAACCATTCG
 2251 GGAATTACTG CCATGTGGTG CCTGTCCGCA CCCTATGAAG CAAGCCTCCG
 65 2301 TTTACCCTG ACAACCCGA TTCAAATGTC CGGAACATCC TTTCCGCGAC
 2351 CCATCGTAAC CCGCACGGCG GCTCTGCTGC TGCAGAAATA CCGTGGATG

ES 2 281 409 T3

2401 AGCAACGACA ACCTGCCATC CACGTTGCTG ACGACGGCTC AGGACATCGG
 2451 TGCAGTCGGC GTGGACAGCA AGTTGCGCTG GGGACTGCTG GATGCGGGTA
 2501 AGGCCATGAA CGGACCCGCG TCCTTTCCTT TCGGCGACTT TACCGCCGAT
 2551 ACGAAAGGTA CATCCGATAT TGCCTACTCC TTCCGTAACG ACATTTCCAGG
 2601 CACGGGCGGC CTGATCAAAA AAGGCGGCAG CCAACTGCAA CTGCACGGCA
 2651 ACAACACCTA TACGGGCAAA ACCATTATCG AAGGCGGTTT GCTGGTGTG
 2701 TACGGCAACA ACAAAATCGGA TATGCGCGTC GAAACCAAAG GTGCGCTGAT
 2751 TTATAACGGG GCGGCATCCG GCGGCAGCCT GAACAGCGAC GGCATTGTCT
 2801 ATCTGGCAGA TACCGACCAA TCCGGCGCAA ACGAAACCGT ACACATCAAA
 2851 GGCAGTCTGC AGCTGGACGG CAAAGGTACG CTGTACACAC GTTTGGGCAA
 2901 ACTGCTGAAA GTGGACGGTA CCGCGATTAT CCGCGGCAAG CTGTACATGT
 2951 CCGCACGCGG CAAGGGGGCA GGCTATCTCA ACGTACCAGG ACGACGTGTT
 3001 CCCTTCCTGA GTGCCGCCAA AATCGGGCAG GATTATCTTT TCTTCACAAA
 3051 CATCGAAACC GACGGCGGCC TGCTGGCTTC CCTCGACAGC GTCGAAAAAA
 3101 CAGCGGGCAG TGAAGGCGAC ACGCTGTCTT ATTATGTCCG TCGCGGCAAT
 3151 GCGGCAOOGA CTGCTTCGGC AGCGGCACAT TCCGCGCCCG CCGGTCTGAA
 3201 ACACGCCGTA GAACAGGGGG GCAACAATCT GGAAACCTG ATGGTCAAC
 3251 TGGATGCCCT CGAATCATCC GCAACACCCG AGACGTTTGA AACTGCGGCA
 3301 GCGACCGCA CAGATATGCC GGCATCCGCG CCCTACGGCG CAATTTCCG
 3351 CGCAGCGGCA GCCGTACAGC ATGCGAATGC CCGCGACGGT GTACGCATCT
 3401 TCACAGTCTT CGCCGCTACC GTCTATGCCG ACAGTACCGC CCGCCATGCC
 3451 GATATGCAGG GACCGCCCTT GAAAGCCGTA TCGGACGGGT TGGACCACAA
 3501 CCGCACGGGT CTGCGCGTCA TCGCGCAAAC CCKACAGGAC GGTGGAACG
 3551 GGGAACAGGG CCGTGTGAAA GGCAAAATGC GCGGCAATAC CCAAACCGTC
 3601 GGCATTGCCG CGAAAACCGG CGAAAATACG ACAGCAGCGG CCACACTGGG
 3651 CATGGGACGC AGCACATGGA GCGAAAACAG TGCAATGCA AAAACCGACA
 3701 GCATTAGTCT GTTTGCAGGC ATACGGCAGC ATGCGGGCGA TATCGGCTAT
 3751 CTCAAAGGCC TGTTCCTTA CGGACGCTAC AAAAACAGCA TCAGCCGATC
 3801 CACCGGTGCG GACGAACATG CCGAAGGCAG CGTCAACGGC ACCTGTATGC
 3851 AGCTGGGCGC ACTGGGCGGT GTCAACGTTT CCGTTGCGGC AACGGGAGAT
 3901 TTGACGGTCT AAGGCGGCTT GCGCTACGAC CTGCTCAAAC AGGATGCATT
 3951 CGCCGAAAAA GGCAGTGCTT TGGGCTGGAG CCGCAACAGC CTCACTGAAG
 4001 GCACGCTGGT CCGACTCGCG GGTCTGAAGC TGTCGCAACC CTTGAGCGAT
 4051 AAGCCGCTCC TGTTCGCAAC GCGCGCCGTC GAACGCGACC TGAACGGCAG
 4101 CGACTACAGG GTAACGGGCG GCTTTACCGG CCGGACTGCA GCAACCGGCA
 4151 AGACGGGGGC ACGCAATATG CCGCACACCC GTCTGPTTGC CCGCCTGGGC
 4201 GCGGATGTCC AATTCGCAAA CCGCTGGAAC GGCTTGGCAC GTTACAGCTA
 4251 CCGCGGTTCC AAACAGTACG GCAACCACAC CCGACGAGTC GCGGTAGGCT
 4301 ACCGGTTCCT CGAGCACACC CACCACCACC ACTGA

1 MATNDDIVK AATVAIAAAY NNQKINGFK AGETIYDIDE DGTITKRDAT
 51 AADVEADDFK GLGLKRVVFN LTKTVNEMRQ NVDKAVKAAE SELEKLTTLK
 101 ADTDAALADT DAALDAYTNA LNLGEMITF FAEETKINIV KIDKLEAVA
 151 DTVDFHARAF HDIADSIDET NTKADEAVRT ANEAKQFAE TQNVDAKVK
 201 AAEFAAGKAE AAAGTANFAA DKAEVAVAKV TDIKADLATN KDWIAKKANS
 251 ADVYTRERSD SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAEKSIADH DTRLNGLDKT
 301 VSDLRKETRQ GLAEQAALSG LFPYNVGRF NVTAAVGGYK SESAVAIGTG
 351 FRFTENFAAK AGVAVGTSSG SSAAYHVGVN YEWGSGGGT SAPDFNAGT
 401 GIGSNRATT AKSAAVSYAG IKNENCKDRS MLCAGRDDVA VTRDAKINA
 451 PPPMLHTGDF PNPNDAYKNL INLKPAIEAG YTGRGVEVGI VDTGESVSGI
 501 SFPELYGRKE HGYNENYKNY TAYMRKRAPE DGGGKDIAS FDEAVIETE
 551 AKPTDIRHVK EIGHIDLVSF IIGGRSVDGR PAGGIAPDAT LHIMNTNDET
 601 KNEMMVAAIR NAWVKLGERG VRIVNSPFT TSRAGTADLF QIANSEEQYR
 651 QALLDYSGGD KTDEGIRLMQ QSDYGNLSYH IRRKRMFLFIF STGNDAAQAP
 701 NTFYALLPFYE KDAQRGITV AGVDRSGEKF KRREMYGEPOT EPLEYGSNHC
 751 GITAMNCLSA PYEASVRFTR TNPIQIAGTS FSAPIVGTGA ALLLQKYPNM
 801 SMDNLRITLL TTAQDIGAVG VDSKFGWGLL DAGKAMNGFA SFPFGDFTAD
 851 TRGTSDIAYS FRNDISGTGG LIKKGGSQIQ LHGNMFTYTK TIIBGGSLLV
 901 YGNKSDMRV ETKGALYNG AASGGSLNSD GIVYLADTDQ SGANETVHIK
 951 GBLQLDGKQT LYTRLGKLLK VDTAIIGGK LYMSARGEKA GYLNSTGRKV
 1001 PFLSAAKIQQ DYSFPTNIET DGGLLASLDS VEKTASSEGD TLSYYVRRGN
 1051 AARTASAAAH SAPAGLKHAV EQGGSNLENL MVELDASESS APTFTVETAA
 1101 ADRTDMPGIR PYGATPRAAA AVQHANAADG VRIFNSLAAT VYADSTAAHV
 1151 DMQGRRLKAV SDGLDHWOTG LRVIAQTQQD GGTWEQGGVE GDMRGSTQTV
 1201 GIAAKTGEHT TAAATLGMGR STWSSENSANA KTDSISLFGF IRHDAGDIGY
 1251 LKGLPSYGRY KNSISRSTGA DEHABGSVNG TLMQLGALGG VNVFFAATGD
 1301 LTVEGGLRYD LLKQDAFAEK GBALGWSGRS LTBOTLVGLA GLKLSQPLSD

ES 2 281 409 T3

1351 KAVLPATAGV ERDLNGRDYT VTGGFTGATA ATGKTGARMN PHTRLVAGLG
 1401 ADVEFGNOMN GLARYSYAGS KQYGNHSGRV GVGYRFLBHH HHHH*

961a-ORF46.1

1 ATGGCCACAA ACGACGACGA TGTTAAAAAA OCTGCCACTG TGGCCATTGC
 51 TGCTGCCTAC AACAAATGGCC AAGAAATCAA CGGTTTCAA GCTGGAGAGA
 101 CCATCTACGA CATTGATGAA GACGGCACAA TTACCAAAAA AGACGCAACT
 151 GCAGCCGATG TTGAAGCCGA CGACTTTAAA GGTCTGGGTC TGAAAAAAGT
 201 CGTGACTAAC CTGACCAGAA CCGTCAATGA AAACAACAA AACGTGATG
 251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAAATAG AAAAGTTAAC AACCAAGTTA
 301 GCAGACACTG ATGCCCTTT AGCAGATACT GATGCCGCTC TGGATGCAAC
 351 CACCAACGCC TTGAAATAAT TGGGAGAAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
 401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATTGATG AAAAATAGA AGCCGTGGCT
 451 GATACCGTCG ACAAGCATGC OGAAGCATTC AACGATATCG CCGATTCAAT
 501 GGATGAAACC AACACTAAGG CAGACGAAAC CGTCAAAACC GCCAATGAG
 551 CCAAACAGAC GGCCGAGAA ACCAAACAAA ACGTGCGATGC CAAAGTAAAA
 601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCCGCTG GCACAGCTAA
 651 TACTGCAGCC GACAAGCCCG AAGCTGTGCG TGCAAAAGTT ACCGACATCA
 701 AAGCTGATAT CGCTACGAAC AAAGATAATA TTGCTAAAAA AGCAAACAGT
 751 GCGAGCGTGT ACACCAGAGA AGAGTCTGAC AGCAAAATFG TCAGAAATGA
 801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATFGA CACACGCTFG GCTTCTGCTG
 851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTGCC TGAACGGTTT GGATAAACA
 901 GTGTCAAGAC TGCGCAJAGA AACCCGCCAA GGCCTTGCAJ AACAAAGCCG
 951 GCTCTCCGGT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTGGATCC GGAGGAGGAG
 1001 GATCAGATTT GGCBAACGAT TCTTTTATCC GGCAGGTTCT CGACCGTCAG
 1051 CATTTCGAAC CCGACGGGAA ATACCACCTA TTGGGCAGCA GGGGGAACT
 1101 TGCCGAGCGC AGCGGCATA TCGGATFGG AAAAATACAA AGCCATCAAT
 1151 TGGGCAACCT GATGATTCAA CAGGCGGCA TFAAAGGAAA TATCGGCTAC
 1201 ATTGTCCGCT TTTCGGATCA CCGGCAGGAA GTCCATTCCC CCTTCGACAA
 1251 CCATGCCCTA CATTCCGATT CTGATGAAGC CGGTAGTCCC GTTGACGGAT
 1301 TTAGCCTTTA CCGCATCCAT TGGGACGGAT AGAACAACCA TCCCGCCGAC
 1351 GGCTATGACG GCCCACAGG CCGCGGCTAT CCGCTCCCA AAGGCGCGAG
 1401 GGATATATAC AGCTACGACA TAAAGGGCGT TCCCAAAAT ATCCGCTCA
 1451 ACCTGACCGA CAACCGCAGC ACCGGACAA GGCCTGCCGA CCGTTTCCAC
 1501 AATGCCGGTA GTATGCTGAC GCAAGGAGTA GCGGACGGAT TCAAACGCC
 1551 CACCGATAC AGCCCCGAGC TGGACAGATC GGCCAATGCC GCCGAAGCCT
 1601 TCAACGGCAC TCCAGATATC GTTAAAAACA TCATCGGGCG GCGAGGAGAA
 1651 ATTGTCCGGC CAGGCGATGC CGTGCAGGGC ATAAGCGAAG GCTCAAACAT
 1701 TGCTGTCAAG CACGGCTTGG GTCTGCTTTC CACCGAAAAC AAGATGGCCG
 1751 GCATCAACGA TTGGCCAGAT ATGGCCCAAC TCAAAGACTA TGCCGACGCA
 1801 GCCATCCGGC ATTGGGCAAT CCAAACCCC AATGCCGCAC AAGGCATAGA
 1851 AGCCGTCAGC AATATCTTTA TGGCAGCCAT CCGCATCAA GGGATTGGAG
 1901 CTGTTCCGGG AAAATACGGC TTGGGCGGCA TCACGGACA TCCTATCAAG
 1951 CCGTCCGAGA TGGGCGGAT CGCATTCCG AAAGGGAAT CCGCCGCTAG
 2001 CGACAAATTT GCCGATCCGG CATACGCCAA ATACCCGTC CCTTACCATT
 2051 CCGAAATAT CCGTTCAAAC TTGGAGCAGC GTTACGGCAA AGAAAACATC
 2101 ACCTCCTCAA CCGTCCGCC GTCAAAACGG AAAAATGTCA AACTGGCAGA
 2151 CCAACGCCAC CCGAAGACAG GCGTACCGTT TGACGGTAAA GGGTTTCCGA
 2201 ATTTTGAGAA GCACGTGAAA TATGATAGC TCGAGCACCA CCACCACCAC
 2251 CACTGA

1 MATNDDDVK AATVALAAAY NNGQEINGFK AGETTYDIDE DGTITTKDAT
 51 AADVEADDFK GLGLKVVVYN LTKYVNEHQ NVDKVKAAE SEIEKLTTKL
 101 ADTDAALADT DAALDATMA LMKLGENITT FAETKTHIV KIDEKLEAVA
 151 DIVDEHAEAF NDIADSLDET NTKADEAVKT ANEAKQTAKB TRQNVDAKVK
 201 AETAAGKAE AAAGTAMTAA DKAEVAARKV TDIKADIATN KDNIAKKANS
 251 ADVYTRRESQ SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAEKSIADH DTRINGLDRK
 301 VSDLRKETRQ GLABQAALSG LFQFYNVGGG GGGGSDLAND SFIRQVLDRO
 351 HFEKPDGKYL FGRGELAEK SGHIGLGIQY SHQLGNLMIQ QAAIKGNIGY
 401 IVRFPDGHIE VHSFFDMHAS HSDSDEAGSP VDGFSLYRIH WDGYESHPAD
 451 GYDGPQGGY PAFKARDIY SYDIKGVQK IRLNLTDRS TGQLADRPF
 501 NAGSMLTQV GDGFKRATRY SPKLDKSGA ARAFNGTADI VKNIIAGAE
 551 IVGAGDAVQG ISEGSNIAVM HGLQLLSTEN KMARINDLAD MAQLKDYAAA
 601 AIRDWAQMP NAAQGIKAVS NIFMAAIPK GIGAVRQKYG LOGTAPHPK
 651 RQMGALALP KGSASVSDMP ADAAYAKYPS PYHFRNIRSN LBQRYGKKNL
 701 TSSTVPPSMG KRVKLDQRH PKTGVPFDGK GFPKPKKHKV YDTLEHHHHH

ES 2 281 409 T3

751 H*

961c-741

5
10
15
20
25
30
35

```

1 ATGGCCACAA ACGACGACGA TGTAAAAAA GCTGCCACTG TGGCCATTGC
51 TGCTGCCTAC AACAAATGGCC AAGAAATCAA CGGTTTCAA GCTGGAGAGA
101 CCATCTACGA CATTGATGAA GACGGCACAA TTACCAAAAA AGACGCAACT
151 GCAGCCGATG TTGAAGCCGA CGACTTTAAA GGTCTGGGTC TGAAAAAAGT
201 CGTGACTAAC CTGACCAAAA CCGTCAATGA AAACAAACAA AACGTCGATG
251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAAATAG AAAAGTTAAC AACCAAGTTA
301 GCAGACACTG ATGCCGCTTT AGCAGATACT GATGCCGCTC TGGATGCAAC
351 CACCAACGCC TTGAATAAAT TGGGAGAAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATTGATG AAAAATTAGA AGCCGTGGCT
451 GATACCGTCG ACAAGCATGC CGAAGCATTC AACGATATCG CCGATTCAAT
501 GGATGAAACC AACACTAAGG CAGACGAAGC CGTCAAACC GCCAATGAAG
551 CCAACAGAC GGCCGAAQAA ACCAAACAAA ACCTCGATGC CAAAGTAAAA
601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCCGCTG GCACAGCTAA
651 TACTGCAGCC GACAGGGCCG AAGCTGTCCG TGCAAAAGTT ACCGACATCA
701 AAGCTGATAT CCGTACGAAC AAGATAATA TTGCTAAAA AGCAAACAGT
751 GCCGACGTGT ACACCAAGAA AGAGTCTGAC AGCAAATTTG TCAGAAATGA
801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATTGGA CACACGCTTG GCTTCTGCTG
851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTCGCC TGAACGGTTT GGATAAACA
901 GTGTCAGACT TGCCCAAAGA AACCCGCCAA GGCTTGCAG AACAAAGCCG
951 GCTCTCCGCT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTGGATCC GGAGGGGCTG
1001 GTGTCGCCGC CGACATCGGT GCGGGGCTTG CCGATGCACT AACCCGACCG
1051 CTCGACCATA AAGCAAAAGG TTTGCAGTCT TTGACGCTGG ATCAGTCCGT
1101 CAGGAAAAAC GGAAACTGA AGCTGGCCGC ACAAGGTCCG GAAAAAAGTT
1151 ATGGAACCGG TGACAGCCTC AATACGGGCA AATGAAGAA CGACATGATC
1201 AGCCGTTTCG ACTTTATCCG CCAAATCGAA GTGGACGGGC AGCTCATTAC
1251 CTTGAGAGAT GGAGAGTTC AAGTATACAA ACAAGCCAT TCCGCTTAA
1301 CCGCCTTCA GACCGAGCAA ATACAAGAT CCGGACATTC CCGGAAGATG
1351 GTTGCAGAAC GCCAGTTCAG AATCGCGGAC ATAGCGGGCG AACATACATC
1401 TTTTGACAAG CTCCCGAAG GCGGCAGGC GACATATCG GGGACGGCT
1451 TCGGTTCAGA CGATGCCGGC GGAAACTGA CCTACCCAT AGATTTCGCC
1501 GCCAAGCAGG GAAACGGCAA AATCGAACAT TTGAAATCG CAGAACTCAA
1551 TGTGCAGACT GCGCCGCGG ATATCAAGCC GGATGGAAAA CCGTACCGG
1601 TCATCAGCGG TTCCGTCCTT TACAACCAAG CCGGAAAGG CAGTTACTCC
1651 CTCGATATCT TTGGCGGAAA AGCCAGGAA GTTCCCGGCA GCGCGGAGT
1701 GAAACCGTA AACGGCATAC GCCATATCG CCTTCCCGC AAGCAACTCG
1751 AGCACCACCA CCACCACCAC TGA

```

40
45
50

```

1 MATNDDVVK AATVALAAAY NMQEINGPK AGEITYDIDE DGTITKEDAT
51 AADVEADDFK GLGLKVVVN LTRVNVENKQ NVDARVKAAS SEIKLITLKL
101 ADTDAALADT DAALDATTHA LNKLGENTTT FAEFTKTNIV KIDKLEAVA
151 DTVDKHAZAF NDYADSLDET NTKADEAVKT AMERAKQTAE TKQNVDAKVK
201 AAEFAAGKAE AAGTANTAA DKAEVAAEV TDIKADIATN KDWLAKKANS
251 ADVYTRRESD SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAEKSIADH DTRLNGLDKT
301 VSDLRKEBTRQ GLAEQAALSG LFPQYNVGGS GGGVVAADIG AGLADALTAP
351 LDHEDKGLQS LTLDQSVRKN EKLKLAQAQA EKYNGDLSL NTRCLKNDKV
401 SRPDFIRQIE VDGQLITLRS GEPQVYKQSH SALTAFOTEQ IQDSEHSGEM
451 VAKRQFRIGD IAGHTSFDK LPEGGRATYR GTAFGSDDAG GRLATYIDFA
501 AKQGNKIEH LKSPBLNVDL AAADIKPDGK RHAVISGSVL YNQAERKSYS
551 LQIFGKAQE VMSAEVKTV NGIRHIGLAA KQLEHHHHHH *

```

961c-983

50
55
60

```

1 ATGGCCACAA ACGACGACGA TGTAAAAAA GCTGCCACTG TGGCCATTGC
51 TGCTGCCTAC AACAAATGGCC AAGAAATCAA CGGTTTCAA GCTGGAGAGA
101 CCATCTACGA CATTGATGAA GACGGCACAA TTACCAAAAA AGACGCAACT
151 GCAGCCGATG TTGAAGCCGA CGACTTTAAA GGTCTGGGTC TGAAAAAAGT
201 CGTGACTAAC CTGACCAAAA CCGTCAATGA AAACAAACAA AACGTCGATG
251 CCAAAGTAAA AGCTGCAGAA TCTGAAATAG AAAAGTTAAC AACCAAGTTA
301 GCAGACACTG ATGCCGCTTT AGCAGATACT GATGCCGCTC TGGATGCAAC
351 CACCAACGCC TTGAATAAAT TGGGAGAAAA TATAACGACA TTTGCTGAAG
401 AGACTAAGAC AAATATCGTA AAAATTGATG AAAAATTAGA AGCCGTGGCT
451 GATACCGTCG ACAAGCATGC CGAAGCATTC AACGATATCG CCGATTCAAT
501 GGATGAAACC AACACTAAGG CAGACGAAGC CGTCAAACC GCCAATGAAG

```

65

ES 2 281 409 T3

551 CCAAACAGAC G0CCGAAGAA ACCAAACAAA ACGTCGATGC CAAAGTAAAA
601 GCTGCAGAAA CTGCAGCAGG CAAAGCCGAA GCTGCCGCTG GCACAGCTAA
651 TACTGCAGCC GACAAGGCCG AAGCTGTCCG TCCAAAAGTT ACCGACATCA
5 701 AAGCTGATAT CGCTACGAAC AAAGATAATA TTGCTAAAA AGCAAACAGT
751 GCCGACGTTT ACACCAGAGA AGAGTCTGAC AGCAAATTTG TCAGAATTGA
801 TGGTCTGAAC GCTACTACCG AAAAATTTGA CACACGCTTG GCTTCTGCTG
851 AAAAATCCAT TGCCGATCAC GATACTCCGC TGAACGGTTT GGATAAAACA
901 GTGTCCAGACC TGCCGAAAGA AACCCGCCAA GGCCTTGCCG AACAGCCCGC
951 GCCTCTCCGT CTGTTCCAAC CTTACAACGT GGGTGGATCC GGC0GAGCCG
10 1001 GCACTTCTGC GCCCGACTTC AATGCAGCGG GTACC0GTAT CGGCAGCAAC
1051 AGCAGAGCAA CAACAGCGAA ATCAGCA0CA GTATCTTACG CCGGTATCAA
1101 GAACGAAATG TGCAAGACA GAAGCATGCT CTGTGCCGGT C0GGATGA0G
1151 TTGCCGTTAC AGACAGGGAT GCCAAAATCA ATGCC000CC C0CCGAATCTG
1201 CATACCCGGAG ACTTTCCAAA CCCAAATGAC GCATACAAGA ATTTGATCAA
15 1251 CCTCAAACCT GCAATTTAAG CAGGCTATAC AGGACCGCGG GTAGAGGTTAG
1301 GTATCGT0GA CACAGGCGAA TCCGTCCGCA GCATATCCTT TCCCGAATCG
1351 TATGGCAGAA AAGAACACCG CTATAACGAA AATTACAAA ACTATACGGC
1401 GTATATG0CG AAGGAAGCCG CTGAAGACCG AGCCGGTAAA GACATTTGAAG
1451 CTTCTTT0GA C0ATGAGGCC GTTATAGAGA CTGAAGCAA GCCGACGGAT
20 1501 ATCCGCCACG CAAAAGAAAT CCGACACATC GATTTGGTCT CCCATTTAT
1551 TGCCGGCCGT TCCGTGGACG GCAGACCTGC AGCGGTATT GCGCCGATG
1601 CGACGCTACA CATATGAAT ACGAATGATG AAACCAAGAA CGAAATGATG
1651 GTTCAGCCA TCCGCAATGC ATGGGTCAAG CTGGCGAAC GTGGCGTGGC
1701 CATCGTCAAT AACAGTTTGG GAACAACATC GAGGGCAGGC ACTGCCGACC
25 1751 TTTTCCAAAT AGCCAAATCG GAGGAGCAGT ACCGCCAAGC GTTGTCTGAC
1801 TATTC0GGCG GTGATAAAAC AGACGAGGGT ATCCGCCTGA TGCAACAGAG
1851 CGATTAACGGC AACCTGTCCCT ACCACATCCG TAATAAAAAC ATGCTTTTCA
1901 TCTTTT0GAC AGGCAATGAC GCACAAGCTC AGCCCAACAC ATATGCCCTA
1951 TTGCCATTTT ATGAAAAGA CGCTCAAAA GGCATTAACA CAGTCGCAGG
30 2001 C0TAGAC0CG AGTGGAGAAA AGTTCAAACG GGAATGTAT GAGAAAC0CG
2051 GTACAGAACC GCTTGAGTAT GGCTCCAACC ATTGCGGAAT TACTGCCATG
2101 TGGTCCCTGT CCGCACCCCTA TGAA0CAAGC GTCCGTTTCA CCGTACAAA
2151 CCGATTTCAA APTGCCGGAA CATCCTTTTC C0CACCCATC GTAACCG0CA
2201 CCGCGCTCT CTGCTGTCAG AAATACCCGT GGATGAGCAA CGACAACCTG
35 2251 CGTACCACGT TGCTGACGAC GGCTCAGGAC ATCGGTGCAG TCGCGTGGGA
2301 CAGCAAGTTC GGCTGGGGAC TGCTGGATGC GGGTAAGGCC ATGAA0GGAC
2351 CCGGTCTCCT TCCGTTCGGC GACTTTACCG CCGATACGAA AGGTACATCC
2401 GATATTG0CT ACTCCTTCCG TAACGACATT TCAGGCACGG GCGGCTGTAT
2451 CAAAAAAGGC GGCAGCCAAC TGCAACTGCA CCGCAACAC ACCTATACGG
40 2501 GCAAACCAT TATCGAAGGC GGTTCGCTGG TGTGTACGG CAACAACAAA
2551 TCGGATATGC GCGTCGAAAC CAAAGGTGCG CTGATTTATA ACCGGGCGGC
2601 ATCCGGCCGC AGCCTGAACA CCGACGGCAT TGTCTATCTG C0AGATA0CG
2651 ACCAATCCGG CGCAACGAA ACCGTACACA TCAAAGCCAG TCTGCAGCTG
2701 GACGGCAAAG GTACGCTGTA CACAC0PTTG G0CAAAC0TC TGAAGTGGGA
45 2751 CCGTACGGCG ATTATCGGCG GCAAGCTGTA CATGTCCGCA CCGCGCAAGG
2801 GCGCAGGCTA FTCAACAGT ACCGGACGAC GTGTCCCTT CCTGAGT0CC
2851 GCCAAAATCG GCGCAGGATTA TTCTTTCTTC ACAAAACATG AAACCGACGG
2901 CCGCCTGCTG GCTTCCCTCG ACAGCGT0GA AAAAACAGCG GCGAGTGAAG
2951 GCGACACGCT GTCTTATTAT GTCCGTCCGG GCAATGCCGC ACCGACTGCT
3001 TCGGACGCG CACATTC0GC GCCCGCCGGT CTGAACACG CCGTAGAACA
50 3051 GCGCGCCAGC AATCTGGAAA ACCTGATGGT CGAACTGGAT G0CTCCGAAT
3101 CATCCGCAAC ACCCGAGACG GTTGAAACTG CCGCAGCCGA CCGCACAGAT
3151 ATGCCGGGCA TCCGCCCTTA CCGCGCACT TTCCCGCCAG CCGCAGCCGT
3201 ACAGCATCG AATGCC0CG ACGGTGTACG CATCTTCAAC AGTCTCG0CG
3251 CTACCGTCTA TGCCGACAGT ACCGCCGCC ATGCCGATAT GCAGGGACGC
55 3301 CCGCTGAAG CCGTATCGGA CCGGTGAGAC CACAACG0CA CCGGTCTGGC
3351 C0TCATCGC CAAACCCAAC AGGACGGTGG AACGTGGGAA CAGGGCGGTG
3401 TTGAAGGCAA AATCGCGGC AGTACCCAAA CCGTCGGCAT TGCCCGGAAA
3451 ACCGGCGAAA ATACGAC0GC AGCCGCCACA CTGGG0CATGG GACCGACAC
3501 ATGGAGCGAA AACAGTGCAA ATGCAAAAAC CGACAGCATT AGTCTGTTTG
3551 CAGGCATACG GCACGATCGG GCGGATATCG GCTATCTCAA AGCCCT0TTC
60 3601 TCCTACGGAC GCTACAAAA CAGCATCAGC CCGAGCACCG GTCCGGACGA
3651 ACAATCGGAA GCGACCGTCA ACCGACCGT GATGCMGCTG GCGCAGCTGG
3701 GCGGTGTCAA C0TTC0PTT GCCGCAACGG GAGATTTGAC GGTCCGAGGC
3751 GGTCTG0GCT ACGACCTGCT CAACAGGAT GCATTCGCCG AAAAAGCCAG
3801 T0CTTTGGC TGGAGCG0CA ACAGCCTCAC TGAAGGCACG CTGGTCCGAC
65 3851 TCGCGGGTCT GAAGCTGT0G CAACCTTGA GCGATAAAGC CGTCTGTTT

ES 2 281 409 T3

3901 GCAACGGCGG GCGTGGAAACG CGACCTGAAC GGACGGGACT ACACGGTAAC
 3951 GGCGGCCTTT ACCGGCCCGA CTGCAGCAAC CGGCCAAGACG GGGCCACGCA
 4001 ATATGCCGCA CACCCGCTCTG GTTGCCTGGCC TGGGCGCGGA TGTCAATTTC
 4051 GGCAACGGCT GGAACGGCTT GGCACGTTAC AGCTACGCCG GTTCCAAACA
 4101 GTACGGCAAC CACAGCGGAC GAGTCCGCCOT AGGCTACCGG TTCTCTCGAGC
 4151 ACCACCACCA CCACCACTGA

5

1 MATNDDDVVK AATVAJAAAY HNGQEIINGFK AGETIYDIDE DGTITEKDAT
 51 AADVEADDFK GLGLKVVVN LTKTVNENRQ NVDKVKAAE SELEKLTTKL
 101 ADTDAALADT DAALDATNA LNKLGENTTT PAEETKTMIV KIDEKLEAVA
 151 DTVDKHAARF NDIADSLDET NTKRAEAVKT ANEAKQTAEB TKQNVDAKVK
 201 AASTAAGKAE AAAGTANTAA DKAEVAKAV TDIKADIATN KDNIAKANS
 251 ADVYTRRESD SKFVRIDGLN ATTEKLDTRL ASAEKSIADH DTRLNGLDKT
 301 VSDLRKETRQ GLAEQAALSG LFPQYVVGGS GGGOTSAPDF NAGGTGIGSN
 351 SRATTAKSAA VSYAGIKNEM CKDRSMLCAG RDDVAVTDRD AKINAPPHL
 401 HTGDFPNPND AYNLNLNPKP AIEAGYTGRO VEVGIVDTGE SVGSISFPPEL
 451 YGRKEHGYNE NYKNYTAYMR KEAPEGGGGK DIRASPDDEA VIETKAKPTD
 501 IRHVKEIGHI DLVSHIIGGR SVDGRFAGGI APDATLHIMN TNDSTKHEMM
 551 VAAIRNAWVK LGERGVRIVN NSFGTTSRAG TADLFQIANS EBQYRQALLD
 601 YSGGDKTDEG IRLMQQSDYG NLSYHIRNKN MLFIFSTGND AQAQFWYAL
 651 LPFYEKDAQK GIITVAGVDR SGKFKREMY GEPGTEPLEY GSNHPCYTAM
 701 WCLSAFYEAS VRFTRTMPIQ IAGTSFSAPI VTGTAALLLQ KYPHMSNDNL
 751 RTMLLTTAQD IGAVGVDSKF GWLLLDAGKA MNGPASFPFG DFTADTKGTS
 801 DIAYSFRNDI SGTGGLIKKG GSQQLQHGNN TYTGKTIIEG GSLVLYGNMK
 851 SDRVETKGA LIYNGAASGG SLNSDGIIVYL ADTDQBGANE TVHIRKSLQL
 901 DGEOTLYTRL GKLLKVDGTA IIGKLYNSA RKGAGAYLMS TGRVVFLLSA
 951 AKIQDYDYSFF TBIETDGGLL ASLDSVEKTA GSEGDTLSSY VRRGHAARTA
 1001 SAAAHSAFAG LKHAVERQGS NLEKLMVELD ASESATPET VETAADRDT
 1051 MGPGRPYGAT FRAAAAQHA NAADGVRIFN SLAATVYADS TAAHADMQGR
 1101 RLKAVSDGLD HNGTGLRVIA QTQQDGGTWE QGGVEGRMRG STQTVGIAAK
 1151 TGENTTAAAT LGMGRPTWSE NSAMAKTDSI SLFAGIRHDA GDIGYLKGLF
 1201 SYGRYKNSIS RSTGADIEHAE GSVNGTLMQL GALGGVNVVFF AATGDULTVEG
 1251 GLRYDLLKQD AFARKGSALG WSGNSLTBGT LVGLAGLKL S QPLSDKAVLF
 1301 ATAGVERDLN GRDYTVTGGF TGATAATGKT GARNMPHTRL VAGLGADVEF
 1351 GNGWNLARY SYAGSKQYGN HSGRVGVGYR FLEHHHHHH*

10

15

20

25

30

35

961cL-ORF46.1

1 ATGAAACACT TTCCATCCAA AGTACTGACC ACAGCCATCC TTGCCACTTT
 51 CTGTAGCGGC GCACTGCCAG CCACAAACGA CGACGATGTT AAAAAAGCTG
 101 CCACGTGTGGC CATTGCTGCT GCCTACAACA ATGGCCAAGA AATCAACGGT
 151 TTCAAAGCTG GAGAGACCAT CTACGACATT GATGAAGACG GCACAATTAC
 201 CAAAAAGAC GCAACTGCAG CCGATGTTGA AGCCGACGAC TTTAAAGGTC
 251 TGGGTCTGAA AAAAGTCTGT ACTAACCTGA CAAAACCGT CAATGAAAA
 301 AAACAAAACG TCGATGCCAA AGTAAAAGCT GCAGAATCTG AAATAGAAAA
 351 GTTAMCAACC AAGTTAGCAG ACACTGATGC CGCTTTAGCA GATACTGATG
 401 CCGCTCTGGA TGCAACCACC AACGCCTTGA ATAAATTGGG AGAAAAATATA
 451 ACGACATTTG CTGAAGAGAC TAAGACAAAT ATCGTAAAAA TTGATGAAAA
 501 ATTAGAAGCC GTGGCTGATA CCGTCGACAA GCATGCCGAA GCATCAACG
 551 ATATCGCCGA TTCATTGGAT GAAACCAACA CTAAGGCAGA CGAAGCCGTC
 601 AAAACCGCCA ATGAAGCCAA ACAGACGGCC GAAGAAACCA AACAAAACGT
 651 CGATGCCAAA GTAAAAGCTG CAGAAACTGC AGCAGGCAAA GCCGAAGCTG
 701 CCGCTGGCAC AGCTAATACT GCAGCCGACA AGGCCGAGC TGTCTGTCGA
 751 AAAGTTACCG ACATCAAAGC TGATATCGCT ACGAACAAAG ATAATATTGC
 801 TAAAAAAGCA AACAGTCCCG ACGTGTACAC CAGAGAAGAG TCTGCACGCA
 851 AATTTGTCA AATTGTATGGT CTGAACGCTA CTACCGAAAA ATTGGACACA
 901 CGCTPGGCTT CTGCTGAAAA ATCCATPGCC GATCACGATA CTCGCCGAAA
 951 CGGTTTGGAT AAAACAGTGT CAGACCTGCG CAAAGAAACC CGCCAAGGCC
 1001 TTGCAGAACA AGCCGCGCTC TCCGCTCTGT TCCAACCTTA CAACGTGGGT
 1051 GGATCCGGAG GAGGAGGATC AGATTTOGCA AACGATTCTT TTATCCGGCA
 1101 GGTTCTCGAG CGTCAGCATT TCGAACCCGA CGGGAATAC CACCTATTTCG
 1151 GCAGCAGGGG GGAACCTGCC GAGCGCAGCG GAGCATATCG ATTGGGAAAA
 1201 ATACAAAGCC ATCAGTTGGG CAACCTGATG ATTCAACAGG CGGCCATTAA
 1251 AGGAAATATC GCTACATTG TCCGCTTTTC CGATCACGGG CACGAAGTCC
 1301 ATTCCCCTT CGACAACCAT GCCTCACATT CCGATTCTGA TGAAGCCGGT
 1351 AGTCCCCTTG ACGGATTTAG CCTTTACCGC ATCCATTGGG ACGGATACGA
 1401 ACACCATCCC GCCGACGGCT ATGACGGGCC ACAGGGCGGC GGCTATCCCG

65

ES 2 281 409 T3

1451 CTCCCAAAGG CGCGAGGGAT ATATACAGCT ACGACATAAA AGGCGTTGCC
 1501 CAAAATATCC GCCTCAACCT GACCGACAAC CGCAGCACCG GACAACGGCT
 1551 TGCCGACCGT TTCCACAATG CCGGTAGTAT GCTGACGCAA GGAGTAGCCG
 1601 ACGGATTCAA ACGCGCCACC CGATACAGCC CGGAGCTGGA CAGATCGGGC
 1651 AATGCCGCCG AAGCCTTCAA CGGCAC TGCA GATATCGTTA AAAACATCAT
 1701 CGGCGCGCA GGAGAAATG TCGGCGCAGG CGATGCCGTG CAGGGCATAA
 1751 GCGAAGGCTC AACATTTGCT GTCATGACAG GCTTGGGTCT GCTTTCCACC
 1801 GAAAACAAGA TGGCGCGCAT CAACGATTTG GCAGATATGG CGCAACTCAA
 1851 AGACTATGCC GCAGCAGCCA TCCGCGATTG GGCAGTCCAA AACCCCAATG
 1901 CCGCACAAAG CATAGAAAGC GTCAGCAATA TCTTTATGGC AGCCATCCCC
 1951 ATCAAAGGGA TTGGAGCTGT TCGGGGAAA TACGGCTTGG GCGGCATCAC
 2001 GGCACATCCT ATCAAGCGGT CGCAGATGGG CGCGATCGCA TTGCCGAAAG
 2051 GGAATCCGC CGTCAGCGAC AATTTTCCCG ATGCGGCATA CGCCAAATAC
 2101 CCGTCCCCTT ACCATTCCCG AAATATCCGT TCAAACCTGG AGCAGCGTTA
 2151 CGGCAAAGAA AACATCACCT CCTCAACCGT GCGCGCGTCA AACGGCAAAA
 2201 ATGTCAAAC TGGCAGACCA CGCCACCCGA AGACAGGCGT ACCGTTTGAC
 2251 GGTAAAGGGT TTCCGAATTT TGAGAAGCAC GTGAAATATG ATACGTAAC T
 2301 CGAG

1 MKHPPSKVLT TAILATPCSG ALAATNDDDV KKAATVAIAA AYBNGQEIING
 51 FKAGETIYDI DEDGTITEKD ATAADVEADD FKGLGLKVV TNLTKTVMEN
 101 KQNVDAKVA AESSEKLT KLADTDAALA DTDALDATT MALNKLGBNI
 151 TTFABETKTN IVKIDKLEA VADTVDKHAE AFNDIADSLD ETNTKADEAV
 201 KTANEAKQTA KETKQNVDAK VKAETAAGK AEAAGTANT AADKAEVAA
 251 KVTDIKADIA TNKDNIAKKA NSADVYTRER SSKFVRIDG LWATTEKLDI
 301 RLASAERSLA DEDTRINGLD KTVSDLRKEF RQGLABQAL SGLFQPYNVG
 351 GSGGGGSDLA NDSFIRQVLD RQHFEPDGKY HLFGRGELA ERSGHIGLGE
 401 IQSHQLGNLM IQQAALGNL GYIVRFSDEG HEVHSPFDNH ASHSDSDEAG
 451 SPVDGFSLYR IHWDGYEHPH ADGYDGPQGG GYPAPKARD IYSYDIKVA
 501 QMIRLHLTDN RSTGQRLADR FHEAGSMLTQ GVGDDGPKRAT RYSPFLDRSG
 551 NAABAFNOTA DIVKNIIGAA GRIVGAGDAV QGISBGSNTA VMHGLGLLST
 601 ENKMARINDL ADMAQLKDYA AAAIRDWAVQ NPNAAQGLEA VSEIFMAAIP
 651 IKGIGAVRGE YLGGITAHF IKRSQMGATA LPKGKSAVSD NPADAAYARY
 701 PSFYHSRNR SMLBQRYGKE NITSSTVPPS NGKRVKLDQ RHPKTGVPPD
 751 GKGFNFPEKH VKYDT*

961cL-741

1 ATGAAACACT TTCCATCCAA AGTACTGACC ACAGCCATCC TTGCCACTTT
 51 CTGTAGCGGC GCACTGGCAG CCACAAACGA CGACGATGTT AAAAAAGCTG
 101 CCACTGTGGC CATTGCTGCT GCCTACAACA ATGGCCAAGA AATCAACGGT
 151 TTCAAAGCTG GAGAGACCAT CTACGACATT GATGAAGACG GCACAATTAC
 201 CAAAAAGAC GCAACTGCAG CCGATGTTGA AGCCGACGAC TTTAAAGGTC
 251 TGGGTCTGAA AAAAGTCTG ACTAACCTGA CCAAACCGT CAATGAAAAC
 301 AAACAAAACG TCGATGCCAA AGTAAAAGCT GCAGAATCTG AAATAGAAA
 351 GTFAACAACC AAGTTAGCAG ACAC TGATGC CGCTTTAGCA GATACTGATG
 401 CCGCTCTGGA TGCAACCACC AACGCCTTGA ATAAATTTGG AGAAAATATA
 451 ACGACATTTG CTGAAGAGAC TAAGNCAAAAT ATCGTAAAAA TTGATGAAA
 501 ATTAGAAGCC GTGGCTGATA CCGTCGACAA GCATGCCGAA GCATTCAACG
 551 ATATCGCCGA TTCATTTGGAT GAAACCAACA CTAAGGCAGA CGAAGCCGTC
 601 AAAACCGCCA ATGAAGCCAA ACAGACGGCC GAAGAAACCA AACAAAACGT
 651 CGATGCCAAA GTAAAAGCTG CAGAAACTGC AGCAGGCAA GCCGAAGCTG
 701 CCGCTGGCAC AGCTAATACT GCAGCCGACA AGGCCGAAGC TGTCTGCTCA
 751 AAAATTACCG ACATCAAAGC TGATATCGCT ACGAACAAAG ATAATATTGC
 801 TAAAAAAGCA AACAGTCCG ACGTGTACAC CAGAGAAGAG TCTGACAGCA
 851 AATTTGTCAG AATTGATGGT CTGAACGCTA CTACCGAAAA ATTGGACACA
 901 CGCTTTGGCT CTGCTGAAAA ATCCATTGCC GATCAGATA CTCGCCTGAA
 951 CGGTTTGGAT AAAACAGTGT CAGACCTGCG CAAAGAAACC CGCCAAGGCC
 1001 TTGCAGAAC AAGCCGCTC TCCGGTCTGT TCCAACCTTA CAACGTGGGT
 1051 GGATCCGGAG GGGTGGTGT CGCCGCGGAC ATCGGTGCGG GGCTTGCCGA
 1101 TGCACTAAC GCACCGCTCG ACCATAAAGA CAAAGGTTTG CAGTCTTTGA
 1151 CGCTGGATCA GTCCGTCAGG AAAACGAGA AACTGAAGCT GCGGCACAA
 1201 GTGCGGAAA AACTTATGG AAACGGTGAC AGCCTCAATA CCGGCAAAAT
 1251 GAGAACGAC AAGGTCAGCC GTTTCGACTT TATCCGCCAA ATCGAAGTGG
 1301 ACGGCGAGCT CATTACCTTG GAGAGTGGAG AGTTCCAAGT ATACAACAA
 1351 AGCCATTCCG CCTTAACCGC CTTTCAGACC GAGCAAATAC AAGATTCGGA
 1401 GCATTCCGGG AAGATGGTTG CGAAACGCCA GTTCAGAAATC GCGACATAG

ES 2 281 409 T3

1451 CCGGCGAACA TACATCTTTT GACAAGCTTC CCGAAGGCGG CAGGGGGACA
 1501 TATCGCGGGA CCGCGTTCGG TTCAGACGAT GCCGGCGGAA AACTGACCTA
 1551 CACCATAGAT TTCGCCOCCA AGCAGGGAAA CCGCAAATC GAACATTTGA
 1601 AATCGCCAGA ACTCAATGTC GACCTGGCCG CCGCCGATAT CAAGCCGGAT
 1651 GGAAAACGCC ATGCCOFCAT CAGCGGTTCC GTCCTTTACA ACCAAGCCGA
 1701 GAAAGGCAGT TACTCCCTCG GTATCTTTGG CCGAAAAGCC CAGGAAGTTG
 1751 CCGGCAGCGC GGAAGTGAAG ACCGTAACG GCATACGCCA TATCGGCCCTT
 1801 GCCGCCAAGC AACTCGAGCA CCACCACCAC CACCCTGA

5

10

15

20

1 MKHFPSKVL/ TAILATFCSG ALAATNDDDV KKAATVALAA AYNGQGEING
 51 FKAGETIYDI DSDGTITKRD ATAADVADDD FKGLGLKVV TNLTKTVEN
 101 KQNVDAKVA ABESEKELTT KLADTDAALA DTDAALDATT NALNKLGENI
 151 TTFABETKTN IVKIDKLEA VADTVDEHAE AFNDIADSLD EFNFKADEAV
 201 KTAMEAKQTA HETKQNVDAK VKAETAAGK AEAAGTANT AADKAEAVAA
 251 KVTDIKADIA TNKDNIAKKA NSADVYTRRE SDSKPVRIIDG LBNATTEKLDI
 301 RLASAEKSLA DEDTRLNGLD KTVSDLRKFT RQGLAEQAL SGLFPQFNVG
 351 GSGGGVVAAD IGAGLADAL/ APLDHKDKGL QSLTLQSVR KNEKLLKAAQ
 401 GAERTYGNQD SLNVTGKLRD KVSRFDFIRQ IEVDGQLITL ESGHFQVYKQ
 451 SHSALTAFQT BQIQDSHSG KMWAKRQPRI GDLAGESHTF DKLFBGGRAF
 501 YRGTAFGSD AGGKLYTID FAAKQGNKI HELKSPELNV DLAAADIKPD
 551 GKRHAIVSGS VLYNQAEKGS YSLGIFGGKA QEVAGSAEVK TVNGIRHIGL
 601 AAKQLREHHH HH*

961cL-983

1 ATGAAACACT TTCCATCCAA AGTACTGACC ACAGCCATCC TTGCCACTTT
 51 CTGTAGCGGC GCACTGGCAG CCACAACGA CGACGATGTT AAAAAAGCTG
 101 CCCTGTGGC CATTCGTGCT GCCTACAACA ATGGCCAAGA AATCAACGGT
 151 TTCAAAGCTG GAGAGACCAT CTACGACATT GATGAAGACG GCACAATTAC
 201 CAAAAAGAC GCAACTGCAG CCGATGTTGA AGCCGACGAC TTTAAAGGTC
 251 TGGGTCTGAA AAAAGTCGTG ACTAACCTGA CCAAAACCGT CAATGAAAAC
 301 AAACAAAACG TCGATGCCAA AGTAAAAGCT GCAGAACTCG AATAGAAAA
 351 GTTAAACAAC AAGTTAGCAG AACTGTATGC CGCTTTAGCA GATACTGATG
 401 CCGCTCTGGA TGCAACCACC AACGCCTTGA ATAAATGGG AGAAAATATA
 451 ACGACATTG CTGAAGAGAC TAAGACAAAT ATCGTAAAAA TTGATGAAAA
 501 ATTAGAAGCC GTGGCTGATA CCGTCGACAA GCATGCCGAA GCATTCACG
 551 ATATCGCCGA TTCATTGGAT GAAACCAACA CTAAGGCAGA CGAAGCCGT
 601 AAAACGCCA ATGAAGCCA ACAGACGGCC GAAGAARCCA AACAAAACCT
 651 CGATGCCAAA GTAAAAGCTG CAGAAACTGC AGCAGGCAAA GCCGAAGCTG
 701 CCGCTGGCAC AGCTAATACT GCAGCCGACA AGGCCGAAGC TGTGCTGCA
 751 AAGGTTACCG ACATCAAAGC TGATATCGCT ACGAACAAAG ATAAATATTC
 801 TAAAAAGCA AACAGTGCCG ACGTGTACAC CAGAGAAGAG TCTGACAGCA
 851 AATTGTTCAG AATTGATGGT CTGAACGCTA CTACCGAAAA ATTGCACCA
 901 CGCTTGGCTT CTGCTGAAAA ATCCATTGCC GATCACGATA CTCGCCTGAA
 951 CGGTTTGGAT AAAACAGTGT CAGACCTGCG CAAAGAAACC CGCCAAGGCC
 1001 TTGCABAACA AGCCCGCCTC TCCGGTCTGT TCCAACCTTA CAACGTGGGT
 1051 GGATCCGGCG GAGGCGGCAC TTCTGCGCCC GACTTCAATG CAGGCGGTAC
 1101 CCGTATCGGC AGCAACAGCA GAGCAACAAC AGCGAATCA GCACGCTAT
 1151 CTTACGCCGG TATCAAGAAC GAAATGTGCA AAGACAGAAG CATGCTCTGT
 1201 GCCGGTCGGG ATGACGTTGC GGTACAGAC AGGGATGCCA AATCAATGC
 1251 CCCCCCCCCG AATCTGCATA CCGAGACTT TCCAAACCCA AATGACGCAT
 1301 ACAAGAAATTT GATCAACCTC AAACCTGCAA TTGAAGCAGG CTATACAGGA
 1351 CGCGGGGTAG AGGTAGGTAT CGTCGACACA GCGAATCCG TCGGCAGCAT
 1401 ATCCFTTCCC GAAGTGTATG GCAGAAAAGA ACACGGCTAT AACGAAAATT
 1451 ACAAAAATA TACGGCGTAT ATGCGGAAGG AAGCGCCTGA AGACGGAGGC
 1501 GGTAAGACA TTGAAGCTTC TTTCGACGAT GAGGCCPTA TAGAGACTGA
 1551 AGCAAAGCCG ACGGATATCC GCCACGTAA AGAAATCGGA CACATCGAAT
 1601 TGGTCTCCCA TATTATTGGC GGGCGTCCG TGGACGGCAG ACCTGCAGGC
 1651 GGTATFGCGC CCGATGCGAC GCTACACATA ATGAATACGA ATGATGAAC
 1701 CAAGAACGAA ATGATGGTTG CAGCCATCCG CAATGCATGG GTCAAGCTGG
 1751 GCGAACGTTG CGTGCACATC GTCATAACA GTTTTGGAAC AACATCGAGG
 1801 GCAGGCACTG CCGACCTTFT CCAAAATAGCC AATTCGGAGG AGCAGTACCG
 1851 CCAAGCGTTG CTCGACTATT CCGCGGTGA TAAAACAGC GAGGGTATCC
 1901 CCCTGATGCA ACAGAGCGAT TACGGCAACC TGTCTTACCA CATCCGTAAT
 1951 AAAACATGC TTTTCATCTT TTCGACAGGC AATGACGCAC AAGCTCAGCC
 2001 CAACACATAT GCCCTATTGC CATTTTATGA AAAAGACGCT CAAAAGGCA
 2051 TTATCACAGT CGCAGGCCGA GACCAGGCTG GAGAAAAGTT CAAAAGGAA

65

ES 2 281 409 T3

2101 ATGTATGGAG AACCGGTTAC AGAACCGCTT GAGTATGGCT CCAACCATTG
 2151 CGGAATFACT GCCATGTGTT GCCTGTGGGC ACCCTATGAA GCAAGCGTCC
 2201 GTTTCACCCG TACAACCOCG ATTCAAATTG CCGGAACATC CTTTTCCGCA
 2251 CCCATCGTAA CCGGCACGGC GGCTCTGCTG CTGCAGAAAT ACCCGTGGAT
 2301 GAGCAACGAC AACCTGCGTA CCACGTTGCT GACGACGGCT CAGGACATCG
 2351 GTGCAGTCCG CGTGGACAGC AMGTTCCGCT GGGGACTGCT GGATGCCGGT
 2401 AAGGCCATGA ACGGACCCGC GTCCCTTTCG TTCCGGGACT TTACCGCCGA
 2451 TACGAAAGGT ACATCCGATA TTGCCTACTC CTTCCGTAAC GACATTTTCA
 2501 GCACGGGCGG CCTGATCABA AAAGGCGGCA GCCAACTGCA ACTGCACGGC
 2551 AACCAACACCT ATACGGGCAA AACCATFATC GAAGGCGGTT CGCTGGTGT
 2601 GTACGGCAAC AACAAATCGG ATATGCGCGT CGAAACCAA GGTGCGCTGA
 2651 TTTATAACGG GCGCGCATCC GCGCGCAGCC TGAACAGCGA CCGCATTTGC
 2701 TATCTGGCAG ATACCGACCA ATCCGGCGCA AACGAAACCG TACACATCAA
 2751 AGGCAGTCTG CAGCTGGACG GCAAAGGTAC GCTGTACACA CGTTTGGGCA
 2801 AACTGCTGAA AGTGGACGGT ACGGCGATTA TCGGCGGCAA GCTGTACATG
 2851 TCGGCACGCG GCAAGGGGOC AGGCATCTC AACAGTACCG GACGACGCTG
 2901 TCCCTTCTG AGTGCOCGCA AAATCGGGCA GGATTATTCT TTCTTACAAA
 2951 ACATCGAAAC CGACGGCGGC CTGCTGGCTT CCTCGACAG CGTCGAAAAA
 3001 ACAGCGGGCA GTGAAGGGCA CACGCTGTCC TATATGTCC GTCCGCGCAA
 3051 TGGCGCACGG ACTGCTTCGG CAGCGGCACA TTCCGCGCCC GCCGGTCTGA
 3101 AACACGCCGT AGAACAGGGC GCGAGCAATC TGGAAAACCT GATGGTCGAA
 3151 CTGGATGCGT CCGAATCATC CGCAACACCC GAGACGGTGT AAACCTCGGC
 3201 AGCCGACCGC ACAGATATGC CCGGCATCCG CCCCTACGGC GCAACTTTCC
 3251 GCGCAGCGGC AGCCGTACAG CATGCGAATG CCGCCGACGG TGTACGCATC
 3301 TTCAACAGTC TCGCCGCTAC CGTCTATGCC GACAGTACCG CCGCCCATGC
 3351 CGATATGCAG GGACGCGGCC TGAAGCCGT ATCGGACGGG TTGGACCACA
 3401 ACGGCACGGG TCTGCGCGTC ATCGCGCAA CCAACAGGA CCGTGGAAACG
 3451 TGGGAACAGG GCGGTGTGTA AGGCAAAATG CCGCGCAGTA CCCAAACCGT
 3501 CCGCATTTGCC GCGAAAACCG GCGAAAATC GACAGCAGCC GCCACATGG
 3551 GCATGGGACG CAGCACATGG AGCGAAAACA GTGCAAATGC AAAAACCGAC
 3601 AGCATTAAGT TGTTFGCAAG CATAACGGAC GATGCGGGCG ATATCGGCTA
 3651 TCTCAAAGGC CTGTTCTCCT ACGGACGCTA CAAAACAGC ATCAGCCOCA
 3701 GCACCGGTGC GGACGAACAT GCGGAAGGCA GCGTCAACGG CACGCTGATG
 3751 CAGCTGGGCG CACTGGGCGG TGTCAACGTT CGTTFGCGG CAACGGGAGA
 3801 TTTGACGGTC GAAGGCGGTC TCGGCTACGA CCTGCTCAA CAGGATCCAT
 3851 TCGCCGAAAA AGGCAAGTCT TTGGGCTGGA GCGGCAACAG CCTCACTGAA
 3901 GGCACGCTGG TCGGACTCGC GGGTCTGAAG CTGTCGCAAC CCTTGAGCGA
 3951 TAAAGCCGTC CTGTTTGCAA CCGCGGGCGT GGAACCGGAC CTGAACGGAC
 4001 CGGACTACAC GGTAAACGGC GGCTTTACCG GCGGACTGC AGCAACCGGC
 4051 AAGACGGGGG CACGCAATAT GCCGCAACC CGTCTGGTTG CCGGCTCGGG
 4101 CCGGATGCTG GAATTCGGCA ACGGCTGGA CCGCTTGGCA CGTTACAGCT
 4151 ACGCGGTTTC CAAACAGTAC GGCAACCACA GCGGACGAGT CCGCGTAGGC
 4201 TACCGGTTCT GACTCGAG

1 MKHFPSKVL TAILATFCSG ALAATNDDDV KKAATVALIA AYNNQOEING
 51 FKAGETIYDI DEDGTITKID ATAADVREAD FRGLGLKKVV TNLTKTVRIEN
 101 KQNVDAKVA ARSEIEKLT KLADTDAALA DTDAALDATT NALNKLGENI
 151 TTFABSTKIN IVKIDKLEA VADTVDKHAE AFNDIADSLD ETWTKADRAV
 201 KTANBAKQTA ESTKQNVDAK VKAETAAGK ABAAGTANT AADKAEAVAA
 251 KVTDIKADIA TWKDLAKKA NSADVYFREE SDSKFVRIDG LNATTEKLDI
 301 RLASAEKSLA DEDTRLNGLD KTVSDLRKEF RQQLAEQAL SGLFPQYINVG
 351 GSGGGTSAP DFNAGGTGIG SNSRATPAKS AAVSYAGIRN ECKDRSMLC
 401 AGRDVAVTD RDAKINAPP NLHTGDFPNP NDAYKNLNL KPAIEAGYTG
 451 RGVEVGIVDT GRSVGSISFP ELYGRKRBHY NENYKNTAY MRKEAPEDGG
 501 GKDIASFPD EAVIETEARP TDIRHVKEIG HIDLVSHIIG GRSVDGRPAG
 551 GIAPDATHI HFTNDETKNE MVAAIRNAW VILGERGVRI VNSFGTFSR
 601 AGTADLFQIA HSEBQYRQAL LDYSGGDKTD EGIRLMQSD YGNLSYHIRN
 651 ENMLFIFSTG NDAQAQPNTY ALLPFYEKDA QKGIITVAGV DRSGEKFKRE
 701 MYGEPGTEPL EYGSNHCGIT AMWCLSAPE ASVRFTRTNP IQIAGTSPSA
 751 PIVTGTALL LQRYPMSND NLRTLL/TTA QDIGAVGVD S KFGWGLLDAG
 801 KAHNGPASF PGDFTADTKG TSDIAYSFRN DISGTGLIK KGSQQLQHG
 851 NNTYTGTII EGSLVLYGM NKSDMRVETK GALTYNGAAS GGSLNSDQIV
 901 YLADTDQSGA NTFVHIKSL QLDGRGTYT RLGKLLKVDG TAIIGKLYM
 951 SARGKAGYL NSTGRRVPPL SAAKIGQDYS FTFNIETDGG LLASLDSVEK
 1001 TAGSEGDTLS YVRRGNAR TASAAHSAP AGLKHAVEQG GSNLENLAVE
 1051 LDASESATP ETVETAADR TDMPGIRPYG ATRAAAAVQ HANAADGVRI
 1101 FNSLAATVYA DSTAAHADNQ GRRLKAVSDG LDHNGTGLRV IAQTQDGGT

ES 2 281 409 T3

1151 WEQGGVEGKM RGSTQTVGIA AKTGENTYAA ATLCMGRSTW SENSANAKTD
1201 SISLFPAGIRH DAGDIGYLKG LPSYGRYKNS ISRSTGADEH AECVSVNCTLM
1251 QLGALGGVNV PFAATGOLTV EGGLRYDLLK QDAFAEKGSA LCWSGNSLTE
1301 GTLVGLAGLK LSQPLSDKAV LEFATAGVERD INGRDYTVTC GFTGATAATG
1351 KTGARNMPHT RLVAGLGADV EFGNGWNGLA RYSYAGSKQY GNHSGRVGVG
1401 YRF*

10 Se entenderá que la invención se ha descrito sólo a modo de ejemplo y que se pueden hacer modificaciones dentro del ámbito de la invención. Por ejemplo, se contempla el uso de proteínas de otras cepas [por ejemplo, véase el documento WO 00/66741 para las secuencias polimórficas para ORF4, ORF40, ORF46, 225, 235, 287, 519, 726, 919 y 953].

15 Detalles experimentales

Estrategia de clonación y diseño de oligonucleótidos

20 Se amplificaron por PCR genes que codifican antígenos de interés diseñados sobre la base de la secuencia genómica de B MC58 de *N. meningitidis*. Se usó siempre DNA genómico de la cepa 2996 como plantilla en reacciones de PCR a no ser que se especifique lo contrario, y se clonaron los fragmentos amplificados en el vector de expresión pET21b+ (Novagen) para expresar la proteína como producto C-terminal etiquetado His, o en pET-24b+ (Novagen) para expresar la proteína en forma “no etiquetada” (por ejemplo, ΔG 287K).

25 Cuando se expresó una proteína sin un partícipe de fusión y con su propio péptido líder (si estaba presente), se realizó la amplificación del marco de lectura abierta (codones ATG a STOP).

30 Cuando se expresó una proteína en forma “no etiquetada”, se omitió la secuencia líder diseñando el cebador de amplificación de extremo 5’ aguas abajo de la secuencia líder predicha.

La temperatura de fusión de los cebadores usados en la PCR dependía del número y el tipo de nucleótidos de hibridación en el cebador global, y se determinó usando las fórmulas:

$$T_{m1} = 4 (G + c) + 2 (A + T) \quad \text{excluida la cola}$$

$$T_{m2} = 64,9 + 0,41 (\% \text{ de GC}) - 600/N \quad \text{cebador entero}$$

40 Las temperaturas de fusión de los oligonucleótidos seleccionados usualmente eran de 65-70°C para los oligonucleótidos enteros y de 50-60°C para la región de hibridación sola.

45 Los oligonucleótidos se sintetizaron usando un sintetizador Perkin Elmer 394 DNA/RNA eluyendo de las columnas en 2,0 ml de NH₄OH y desprotegiendo por incubación durante 5 horas a 56°C. Los oligonucleótidos se precipitaron añadiendo acetato sódico 0,3 M y dos volúmenes de etanol. Se centrifugaron las muestras y las pellas se volvieron a poner en suspensión.

Los oligonucleótidos usados para hacer las proteínas 961 e híbridos de la invención incluyen:

(Tabla pasa a página siguiente)

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		Secuencias	Sitio de restricción
Orf46.1L	Fwd	GGGAATCCATATG-GGCATTTCCCGCAAAATATC	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTACGTATCATATTCACGTGC	XhoI
orf46. (His-GST)	Fwd	GGGAATCCATATG-CACGTAATATGATACGAAG	BamHI-NdeI
	Rev	CCCGCTCGAGTTACTCTCTATAACGAGGTCCTTAAC	XhoI
orf46.1-His	Fwd	GGGAATCCATATGTCAGATTGGCAACGATCTT	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAGGTATCATATTCACGTGC	XhoI
287L	Fwd	CTAGCTAGC-TTAAACGCAGCGTAATCGCAATGG	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTTGCC	XhoI
287	Fwd	CTAGCTAGC-GGGGGCGGGGTGGCG	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTTGCC	XhoI
287Lorf4	Fwd	CTAGCTAGCGCTCATCTCGCCOCC-TCCGGGGCGGGCGGT	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTTGCC	XhoI
287-4u	Fwd	CCGGGATCC-GGGGGCGGGGTGGGG	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTTGCC	XhoI
287-His	Fwd	CTAGCTAGC-GGGGGCGGGGTGGCG	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-ATCCTGCTCTTTTTTGCC*	XhoI
287-His(2996)	Fwd	CTAGCTAGC-TCCGGGGCGGGGTGGCG	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-ATCCTGCTCTTTTTTGCC	XhoI
Δ1 287-His	Fwd	CCCGGATCCGCTAGC-CCCGATGTTAATCGGC §	NheI
	Rev	CCCGGATCCGCTAGC-CAAGATATGGCGGCAGTT	NheI
Δ2 287-His	Fwd	CCCGGATCCGCTAGC-GCCGAATCGCAAAATCA§	NheI
	Rev	CCCGCTAGC-GGAAGGTTGATTTGGCTAATGG§	NheI
Δ4 287MC68-His	Fwd	CCCGCTAGC-GGAAGGTTGATTTGGCTAATGG§	NheI
	Rev	CCGCATATG-TTAAACGCAGCGTAATCGC	NdeI
287b-His	Fwd	CCCGCTCGAG-AAAATTGCTACCGCCATTCCGAGG	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-AAAATTGCTACCGCCATTCCGAGG	XhoI

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

(continuación)		Secuencias	Sitio de restricción
287b-His	Fwd	CGCCATATG-GGAAGGGTTGATTGGCTAATGG	NdeI
287b-2996-His	Rev	CCCGCTCGAG-CTTGTCTTTATAAATGATGACATAATTG	XhoI
287b-MC58-His	Rev	CCCGGTCGAG-TTATAAAAGATAATATATGATTGATTCC	XhoI
287c-2996-His	Fwd	CGCGCTAGC-ATGCCCGCTGATCCCGTCAATC	NheI
'287unlapee'd'(2996)	Fwd	CTAGCTAGC-GGGGGCGGGTGGCG	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTGCC	XhoI
ΔG287-His*	Fwd	CGCGGATCCGCTAGC-CCCGATGTTAAATCGGC	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-ATCCTGCTCTTTTTGCC	XhoI
ΔG287K(2996)	Fwd	CGCGGATCCGCTAGC-CCCGATGTTAAATCGGC	NheI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTGCC	XhoI
ΔG 287-L	Fwd	CGCGGATCCGCTAGC-TTGAACGCAGTGTGATGCAATGGCTGTATTTTGGC CTTTCAGCCTGT TCGCCCGATGTTAAATCGGC	NheI
	Rev	GGCGCTCGAG-TCAATCCTGCTCTTTTTGCC	XhoI
ΔG 287-Orf4L	Fwd	CGCGGATCCGCTAGC-AAACCTCTTCAAACCCCTTCGGCCCGCCGCACTCGCG	NheI
	Rev	CTCATCCTCGCCGCTGC TCGCCCGATGTTAAATCG	XhoI
741-His (MC58)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-AGCAGCGGAGGGGTG	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTGCCTGGCGCAAGGC	XhoI
ΔG741-His (MC58)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GTCGCCGCCGACATCG	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTGCCTGGCGCAAGGC	XhoI
919L	Fwd	CGCGGATCCCATATG-AAAAATACCTATTCCGG	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTACGGCGGTATTCCGG	XhoI
919	Fwd	CGCGGATCCCATATG-CAAAGCAAGAGCATCCAAA	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTACGGCGGTATTCCGG	XhoI

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

(continuación)		Secuencias	Sitio de restricción
919L Ori4	Fwd	GGGAATCCATATGA AACCTTCTTCAA AACCTTCCG CCGCCGGCTAGCGCTCATCTCGCCGCC- TGCCAAAGCAAGAGCATC	NdeI-(NheI)
	Rev	CCCCTCGAG-TTACGGGGGTTATCGGGGTTACATACCG	XhoI
953L	Fwd	GGGAATCCATATG-AAAAAATCATCTCCCGG	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTATGTTGGCTGCCTCGAT	XhoI
953-fu	Fwd	GGGAATCCATATG-GCCACCTACAAAGTGAGC	NdeI
	Rev	CGGGGATCC-TTGTTGGCTGCCTCGATTG	BamHI
961L	Fwd	CGCGGATCCCATATG-AAACACTTCCATCC	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTACGACTCGTAATTGAC	XhoI
961	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAGCGGAGC	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTACCACCTCGTAATTGAC	XhoI
961 c (His/GST)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACA AACCGAGC	BamHI-NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-ACCCACGTTGTAAGGTTG	XhoI
961 c-(His/GST) (MC58)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACAAGCGGAGC	BamHI-NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-ACCCACGTTGTAAGGTTG	XhoI
961 c-L	Fwd	CGCGGATCCCATATG-ATGAACACTTCCATCC	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTACCAGCGTTGTAAGGT	XhoI
961 c-L (MC58)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-ATGAACACTTCCATCC	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTACCAGCGTTGTAAGGT	XhoI
961 d (His/GST)	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACA AACCGAGC	BamHI-NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-GTCTGACACTGTTTATCC	XhoI
961 Δ1-L	Fwd	CGCGGATCCCATATG-ATGAACACTTCCATCC	NdeI
	Rev	CCCCTCGAG-TTATGCTTTGGGGCAAAG	XhoI
fu 961-...	Fwd	CGCGGATCCCATATG-GCCACA AACCGAGC	NdeI
	Rev	CGCGGATCC-CCCACCTCGTAATTGAGGCC	BamHI

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

(continuación)		Secuencias	Sitio de restricción
fu 961-... (MC58)	Fwd	CGGGATCCCATATG-GCCACAAGCGACGAC	NdeI
	Rev	CGGGATCC-CCACTCGTAATTGACGCC	BamHI
fu 961 c-...	Fwd	CGGATCCCATATG-GCCACAACGACGAC	NdeI
	Rev	CGGGATCC-ACCCACGTTGTAAGGTTG	BamHI
fu 961 c-L-...	Fwd	CGGGATCCCATATG-ATGAAACACTTCCATCC	NdeI
	Rev	CGGGATCC-ACCCACGTTGTAAGGTTG	BamHI
fu (961)-741 (MC58)-His	Fwd	CGGGATCC-GGAGGGGTTGGTCTCG	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTGCCTGGCGGCAAGGC	XhoI
fu (961)-983-His	Fwd	CGGGATCC-GGCGGAGGCGGCACCT	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-GAACCGGTAGCCTAGC	XhoI
fu (961)-Orf46.1-His	Fwd	CGGGATCCGGTGGTGGT-TCAGATTTGGCAAACGATTC	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-CGTATCATATTTACCGTGC	XhoI
fu (961 c-L)-741 (MC58)	Fwd	CGGGATCC -GGAGGGGTTGGTCTCG	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTATTGCTTGGCGGCAAG	XhoI
fu (961c-L)-983	Fwd	CGGGATCC - GGCGGAGGCGGCACCT	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-TCAGAACCGGTAGCCTAC	XhoI
fu (961c-L)-Orf46.1	Fwd	CGGGATCCGGTGGTGGT-TCAGATTTGGCAAACGATTC	BamHI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTACGTATCATATTTACCGTGC	XhoI
961-(His/GST) (MC58)	Fwd	CGGGATCCCATATG-GCCACAAGCGACGACG	BamHI-NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-CCACTCGTAATTGACGCC	XhoI
961 Δ1-His	Fwd	CGGGATCCCATATG-GCCACAACGACCCAC	NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TGCTTGGCGGCAAAGTT	XhoI
961a-(His/GST)	Fwd	CGGGATCCCATATG-GCCACAACGACGAC	BamHI-NdeI
	Rev	CCCGCTCGAG-TTAGCAATATTATCTTTGTCGTAGC	XhoI

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		(continuación)	Secuencias	Sitio de restricción
961b-(His/GST)	Fwd		CGCGGATCCCATATG-AAAGCAAACCGTGCCGA	BamHI-NdeI
	Rev		CCCGCTCGAG-CCACTCGTAATTGACGCC	XhoI
961-His/GST-GATE	Fwd		GGGGGCAAGTTGTCACCAAGCGGCTGCAGCCACAAACGACGACG ATGTTAAAAAAGC	NotI
	Rev		GGGGGCCACTGTACAGAGAGCTGGTTACCACCTCGTAATTGACGC CGACATGGGTAGG	NotI
963-His(2996)	Fwd		GGCGGATCCGCTAGC-TTAGCGCGCGGGGAG	NheI
	Rev		CCCGCTCGAG-GAACCCTAGCCTAGC	XhoI
Δ963-His(2996)	Fwd		CCCTAGCTAGC-ACTTCTGCGCCGACTT	NheI
	Rev		CCCGCTCGAG-GAACCCTAGCCTAGC	XhoI
963-His	Fwd		CGCGGATCCGCTAGC-TTAGCGCGCGCGGAG	NheI
	Rev		CCCGCTCGAG-GAACCCTAGCCTAGC	XhoI
Δ963-His	Fwd		GGCGGATCCGCTAGC-ACTTCTGCGCCGACTT	NheI
	Rev		CCCGCTCGAG-GAACCCTAGCCTAGC	XhoI
963L	Fwd		CGCGGATCCGCTAGC-CGAACGACCCCAACCTCCCTACAAAACCTTTCAM	NheI
	Rev		CCCGCTCGAG-TCAGAACCAGGTCGCAAGCCGTTTC	XhoI

* Este cebador se usó como cebador inverso para todas las fusiones C-terminales de 287 a His-tag
 § Cebadores de avance usados en combinación con el cebador inverso 287-His
 Las reacciones PCR de NB-All usan la cepa 2996 a no ser que se especifique algo diferente (por ejemplo, cepa MC58)

ES 2 281 409 T3

En todas las construcciones que empiezan con un ATG no seguido por un sitio individual NheI, el codón ATG es parte del sitio NdeI usado para clonar. Las construcciones hechas usando NheI como sitio de clonación en el terminal 5' (por ejemplo, los que contienen 287 en el término N) tienen dos codones adicionales (GCT AGC) fusionados a la secuencia de codificación del antígeno.

5

Preparación de plantillas de DNA cromosomales

Las cepas de *N. meningitidis* 2996, MC58, 394.98, 1000 y BZ232 (y otras) se hicieron crecer a fase exponencial en 100 ml de medio GC, se cosecharon por centrifugación y se volvieron a poner en suspensión en 5 ml de tampón (20% p/v de sacarosa, Tris-HCl 50 mM, EDTA 50 mM, pH 8). Después de 10 minutos de incubación sobre hielo, las bacterias se lisaron añadiendo 10 ml de solución de lisis (NaCl 50 mM, 1% de Na-sacrosil, 50 µg/ml de proteinasa K) y la suspensión se incubó a 37°C durante 2 horas. Se realizaron dos extracciones con fenol (equilibrado a pH 8) y una extracción con CHCl₃/alcohol isoamílico, se precipitó DNA añadiendo acetato sódico 0,3 M y dos volúmenes de etanol y se recogió por centrifugación. La pella se lavó una vez con etanol (70% v/v) y se redisolvió en 4,0 ml de tampón TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM, pH 8,0). La concentración de DNA se midió por lectura de OD₂₆₀.

15

Amplificación por PCR

El protocolo estándar de PCR fue el siguiente: se usaron como plantillas 200 ng de DNA genómico de cepas 2996, MC58, 1000 o BZ232, o 10 ng de preparación de DNA de plásmido de clones recombinantes en presencia de 40 µM de cada cebador de nucleótido, 400-800 µM de solución de dNTPs, tampón 1x de PCR (que incluye MgCl₂ 1,5 mM), 2,5 unidades de Taq/polimerasa de DNA (usando Perkin-Elmer AmpliTaq, plantilla larga Boehringer Mannheim Expand^{MC}).

20

Después de una incubación preliminar de 3 minutos de la totalidad de la mezcla a 95°C, cada muestra experimentó una amplificación en dos etapas: los primeros 5 ciclos se realizaron usando la temperatura de hibridación que excluía la cola de la enzima de restricción del cebador (T_{m1}). A esto siguieron 5 ciclos de acuerdo con la temperatura de hibridación calculada para oligonucleótidos de longitud entera (T_{m2}). Los tiempos de alargamiento, realizados a 68°C o 72°C, variaban de acuerdo con la longitud de Orf a amplificar. En el caso de Orf1, el tiempo de alargamiento, empezando desde 3 minutos, se aumentó en 15 segundos cada ciclo. Los ciclos se completaron con una etapa de extensión de 10 minutos a 72°C.

25

30

El DNA amplificado se cargó directamente en gel de agarosa al 1%. El fragmento de DNA correspondiente a la banda de tamaño correcto se purificó desde gel usando el kit Qiagen Gel Extraction.

35

Digestión de fragmentos de PCR y de vectores de clonación

El DNA purificado correspondiente al fragmento ampliado se digirió con enzimas de restricción apropiadas en pET-21b, pET22b+ o pET-24b-. Los fragmentos digeridos se purificaron usando el kit de purificación QIAquick (siguiendo las instrucciones del fabricante) y se eluyó con H₂O o Tris 10 mM, pH 8,5. Los vectores de plásmido se digirieron con las enzimas de restricción apropiadas, se cargaron en gel de agarosa al 1,0% y la banda correspondiente al vector digerido se purificó usando el kit Qiagen QIAquick Gel Extraction.

40

Clonación

45

Los fragmentos correspondientes a cada gen, previamente digeridos y purificados, se ligaron a pRT21b+, pET22b+ o pEt-24b+. Se usó una relación 3:1 de fragmento/vector con T4 DNA ligasa en el tampón de ligación suministrado por el fabricante.

50

Se transformó plásmido recombinante en DH5 o HB101 competente de *E. coli* incubando la solución de reacción de ligasa y bacterias durante 40 minutos sobre hielo, luego a 37°C durante 3 minutos.

Seguidamente se añadieron 800 µl de caldo LB y se incubó a 37°C durante 20 minutos. Las células se centrifugaron a la velocidad máxima en una microcentrifugadora Eppendorf y se pusieron nuevamente en suspensión en aproximadamente 200 µl de material sobrenadante y se cultivaron sobre agar de ampicilina LB (100 mg/ml). La exploración de clones recombinantes se realizó haciendo crecer al azar colonias seleccionadas durante la noche a 37°C en 4,0 ml de caldo LB + 100 µg/ml de ampicilina. Se peletizaron las células y se extrajo el DNA de plásmido usando el kit Qiagen QIAprep Spin Miniprep siguiendo las instrucciones del fabricante. Se digirió aproximadamente 1 µg de cada minipreparado individual con las enzimas de restricción apropiadas y el digerido se cargó en gel de agarosa al 1-1,5% (dependiendo del tamaño esperado del inserto) paralelamente con el marcado del peso molecular (1 kb DNA Ladder, GIBCO). Se seleccionaron clones positivos sobre la base del tamaño del inserto.

55

60

Expresión

Después de clonar cada gen en el vector de expresión, se transformaron plásmidos recombinantes en cepas de *E. coli* adecuadas para expresión de la proteína recombinante. Para transformar BL21-DE3 de *E. coli* se usó 1 µl de cada construcción como se ha descrito antes. Se inocularon colonias recombinantes individuales en 2 ml de LB+Amp (100 µg/ml), se incubó a 37°C durante la noche, luego se diluyó 1:30 en 20 ml de LB+Amp (100 µg/ml) en matraces de

65

ES 2 281 409 T3

100 ml para obtener un OD₆₀₀ entre 0,1 y 0,2. Los matraces se incubaron a 30°C o a 37°C en un agitador giratorio de baño de agua hasta que IO₆₀₀ indicó un crecimiento exponencial adecuado para inducir la expresión (0,4-0,8 OD). La expresión de proteína se indujo añadiendo IPTG 1,0 mM. Después de 3 horas de incubación a 30°C o 37°C, se midió OD₆₀₀ y se examinó la expresión. Se centrifugó 1,0 ml de cada muestra en una microcentrifugadora, se volvió a poner en suspensión la pella en PBS y se analizó por SDS-PAGE y tinción con azul Coomassie.

Clonación y expresión por Gateway

Las secuencias marcadas GATE se clonaron y expresaron usando la tecnología de clonación GATEWAY (GIBCO-BRL). La clonación por recombinación (RC) está basada en reacciones de recombinación que median la integración y escisión de fago en y de, respectivamente, *E. coli*. La integración implica recombinación del sitio attP del DNA del fago dentro del sitio attB situado en el genoma bacteriano (reacción de BP) y genera un genoma de fago integrado flanqueado por los sitios attL y attR. La escisión recombinación los sitios attL y attR (reacción LR). La reacción de integración requiere dos enzimas [la integrasa de proteína de fago (Int) y el factor de hospedador de integración de proteína bacteriana (IHF)] (BP clonasa). La reacción de escisión requiere Int, IHF y una enzima de fago adicional, escisionasa (Xis) (RL clonasa). Al extremo 5' de los cebadores usados en las reacciones PCR para amplificar ORFs de *Neisseria* se añadieron derivados artificiales del sitio de recombinación attB bacteriana de 25 bp, denominados B1 y B2. Los productos resultantes se clonaron por BP en el "vector dador" que contenía derivados complementarios del sitio de recombinación (P1 y P2) attP del fago usando BO clonasa. Los "clones de entrada" resultantes contenían ORFs flanqueadas por derivados del sitio attL (L1 y L2) y se subclonaron en los "vectores de destino" de expresión que contienen derivados de los sitios attR compatibles con attL (R1 y R2) usando LR clonasa. Esto dio por resultado "clones de expresión" en los que las ORFs están flanqueadas por B1 y B2 y fusionadas en el marco a GST o etiquetas His N terminales. La cepa de *E. coli* usada para expresión GATEWAY es BL21-SI. Las células de esta cepa se inducen para expresión de la T7 RNA polimerasa por crecimiento en un medio que contiene sal (NaCl 0,3M). Nótese que este sistema da etiquetas His de término N.

Preparación de proteínas de membrana

Con el fin de obtener proteínas recombinantes expresadas con secuencias líder de localización de membrana, se aislaron fracciones compuestas principalmente por membrana interior, exterior o membrana completa. El procedimiento de preparación de fracciones de membrana, enriquecidas para proteínas recombinantes, se adaptó de Filip y otros (J. Bact. (1973) 115:717-722) y Davies y otros [J. Immunol. Meth. (1990) 143:215-225]. Se hicieron crecer colonias individuales que alojan el plásmido durante la noche a 37°C en 20 ml de cultivo líquido de LB/Amp (100 µg/ml). Las bacterias se diluyeron 1:30 en 1,0 l de medio de cultivo recientemente preparado y se hicieron crecer a 30°C o 37°C hasta que OD₅₅₀ alcanzó 0,6-0,8. La expresión de bacterias recombinantes se indujo con IPTG a una concentración final de 1,0 mM. Después de una incubación durante 3 horas, las bacterias se cosecharon por centrifugación a 8000 g durante 15 minutos a 4°C y se volvieron a poner en suspensión en 20 ml de Tris-HCl 20 mM (pH 7,5) e inhibidores de proteasa entera (Boehringer Mannheim). Todos los procedimientos posteriores se realizaron a 4°C sobre hielo.

Las células se rompieron por sonicación usando un Branson Sonifier 450 y se centrifugaron a 5000 g durante 20 min para sedimentar células no rotas y cuerpos de inclusión. El material sobrenadante, que contenía membranas y residuos celulares, se centrifugó a 50000 g (Beckman Ti50, 29000 rpm) durante 75 min, se lavó con bis-tris-propano 20 mM (pH 6,5), NaCl 1,0 M, 10% de glicerol (v/v) y se sedimentó nuevamente a 50000 g durante 75 min. La pella se volvió a poner en suspensión en Tris-HCl 20 mM (pH 7,5), 2% (v/v) de Sarkosyl, inhibidor de proteasa completa (concentración final en EDTA 1,0 mM) y se incubó durante 20 minutos para disolver la membrana interior. Los residuos celulares se pelletizaron por centrifugación a 5000 g durante 10 min y el material sobrenadante se centrifugó a 75000 g durante 75 min (Beckman Ti50, 33000 rpm). En el material sobrenadante se encontraron proteínas 008L y 519L, lo que sugirió la localización de la membrana interior. Para estas proteínas se usaron fracciones de membrana interior y de membrana total (lavadas como antes con NaCl) con el fin de inmunizar ratones. Se lavaron con Tris-HCl (pH 7,5) vesículas de membrana exterior obtenidas de la pella de 75000 g y se centrifugaron a 75000 g durante 75 minutos o durante la noche. El OMV se volvió a poner finalmente en suspensión en 500 µl de Tris-HCl 20 mM (pH 7,5), 10% v/v de glicerol. Se localizaron Orf1L y Orf4L y se enriquecieron en la fracción de membrana exterior que se usó para inmunizar ratones. La concentración de proteína se estimó por la norma Bradford Assay (Bio-Rad), mientras que la concentración de proteína en la fracción de membrana interior se determinó con el ensayo DC de proteínas (Bio-Rad). Se ensayaron por SDS-PAGE varias fracciones del procedimiento de aislamiento.

Purificación de proteínas His-etiquetadas

Se clonaron varias formas de 287 de las cepas 2996 y MC58. Se construyeron con una fusión etiquetada His de término C y se incluyeron en una forma madura (aa 18-427), construcciones con supresiones ($\Delta 1$, $\Delta 2$, $\Delta 3$ y $\Delta 4$) y clones compuestos por dominios B o C. Para cada clon purificado como una fusión His, se tomó una porción de una colonia individual y se hizo crecer durante la noche a 37°C sobre placa de agar con LB/Amp (100 µg/ml). Se inoculó una colonia aislada de esta placa en 20 ml de medio líquido de LB/Amp (100 µg/ml) y se hizo crecer durante la noche a 37°C. El cultivo nocturno se diluyó 1:30 en 1,0 l de medio líquido de LB/Amp (100 µg/ml) y se dejó que creciera a la temperatura óptima (30 o 37°C) hasta que OD₅₅₀ alcanzó el valor de 0,6-0,8. La expresión de proteína recombinante se indujo añadiendo IPTG (concentración final, 1,0 mM) y el cultivo se incubó durante 3 horas más. Las bacterias se cosecharon por centrifugación a 8000 g durante 15 min a 4°C. La pella bacteriana se volvió a poner en suspensión en 7,5 ml de (i) tampón A frío (NaCl 300 mM, tampón de fosfato 50 mM, imidazol

ES 2 281 409 T3

10 mM, pH 8,0) para proteínas solubles, o (ii) tampón B (Tris-HCl 10 mM, tampón de fosfato 100 mM, pH 8,8 y, opcionalmente, urea 8 M) para proteínas insolubles. Las proteínas purificadas en forma soluble incluían 287-His, $\Delta 1$, $\Delta 2$, $\Delta 3$ y $\Delta 4287$ -His, $\Delta 4287$ MC58-His, 287c-His y 287cMC58-His. La proteína 287bMC58-His era insoluble y se purificó como correspondía. Las células se rompieron por sonicación sobre hielo cuatro veces durante 30 s a 40 W usando un sonicador Branson 450 y se centrifugaron a 13000xg durante 30 min a 4°C. Para las proteínas insolubles, las pellas se pusieron nuevamente en suspensión en 2,0 ml de tampón C (hidrocloruro de guanidina 6M, tampón de fosfato 100 mM, Tris-HCl 10 mM, pH 7,5) y se trataron con 10 pasadas de un homogeneizador de mano de mortero (Dounce). El homogeneizado se centrifugó a 13000 g durante 30 min y se retuvo el material sobrenadante. El material sobrenadante tanto de la preparación soluble como de la insoluble se mezcló con 150 μ l de resina Ni²⁺ (equilibrada previamente con tampón A o tampón B, como procediera) y se incubó a temperatura ambiente con una agitación suave durante 30 min. La resina era Chelating Sepharose Fast Flow (Pharmacia), preparada de acuerdo con el protocolo del fabricante. La preparación por lotes se centrifugó a 700 g durante 5 min a 4°C y se desechó el material sobrenadante. La resina se lavó dos veces (a modo de lote) con 10 ml de tampón A o B durante 10 min, se puso en suspensión en 1,0 ml de tampón A o B y se cargó en una columna desechable. Se continuó lavando la resina con (i) tampón A a 4°C o (ii) tampón B a temperatura ambiente hasta que OD₂₈₀ de la corriente de paso alcanzó el valor de 0,02-0,01. La resina se lavó más con (i) tampón C frío (NaCl 300 mM, tampón de fosfato 50 mM, imidazol 20 mM, pH 8,0) o (ii) tampón D (tris-HCl 10 mM, tampón de fosfato 100 mM, pH 6,3 y, opcionalmente, urea 8M) hasta que el OD₂₈₀ de la corriente de paso alcanzó el valor de 0,02-0,01. La proteína de fusión His se eluyó añadiendo 700 μ l de (i) tampón de elución A frío (NaCl 300 mM, tampón de fosfato 50 mM, imidazol 250 mM, pH 8,0) o (ii) tampón de elución B (Tris-HCl 10 mM, tampón de fosfato 100 mM, pH 4,5 y, opcionalmente, urea 8M) y se recogieron las fracciones hasta que OD₂₆₀ indicó que se había obtenido la totalidad de proteína recombinante. Se analizaron por SDS-PAGE partes alícuotas de 20 μ l de cada fracción de elución. Las concentraciones de proteína se estimaron usando el ensayo Bradford.

Renaturalización de proteínas de fusión His desnaturalizadas

La desnaturalización era necesaria para solubilizar 287bMC8, por lo que se empleó una etapa de renaturalización antes de la inmunización. Se añadió glicerol a las fracciones desnaturalizadas obtenidas antes para obtener una concentración final de 10% v/v. Las proteínas se diluyeron a 200 μ g/ml usando tampón de diálisis I (glicerol al 10% v/v, arginina 0,5M, tampón de fosfato 50 mM, glutatona reducida 5,0 mM, glutatona oxidada 0,5 mM, urea 2,0 mM, pH 8,8) y se dializó contra el mismo tampón durante 12-14 horas a 4°C. Se dializó además con tampón II (glicerol al 10% v/v, arginina 0,5 mM, tampón de fosfato 50 mM, glutatona reducida 5,0 mM, glutatona oxidada 0,5 mM, pH 8,8) durante 12-14 horas a 4°C. La concentración de proteína se estimó usando la fórmula:

$$\text{Proteína (mg/ml)} = (1,55 \times \text{OD}_{280}) - (0,76 \times \text{OD}_{260})$$

Análisis de la secuencia de aminoácidos

El análisis automatizado de secuencias del término NH₂ de proteínas se realizó con un secuenciador Beckman (LF 3000) equipado con analizador en línea de feniltioindantoin-aminoácidos (sistema Gold) de acuerdo con las recomendaciones del fabricante.

Inmunización

Se inmunizaron ratones Balb/C con antígenos los días 0, 21 y 35 y se analizaron los sueros el día 49.

Análisis ELISA de sueros

Las cepas acapsuladas MenB M7 y las capsuladas se cultivaron sobre placas de agar de chocolate y se incubaron durante la noche a 37°C con 5% de CO₂. Se recogieron de las placas de agar colonias de bacterias usando un trapo de dracón estéril y se inocularon en caldo Mueller-Hinton (Difco) que contenía 0,25% de glucosa. El crecimiento de bacterias se controló cada 30 minutos siguiendo el valor de OD₆₂₀. Se dejó que crecieran las bacterias hasta que OD alcanzó el valor de 0,4-0,5. Se centrifugó el cultivo a 4000 rpm durante 10 minutos. Se desechó el material sobrenadante y las bacterias se lavaron dos veces con PBS, se pusieron en suspensión en PBS que contenía 0,025% de formaldehído y se incubó durante 1 hora a 37°C y luego durante la noche a 4°C con agitación. Se añadieron 100 μ l de células de bacterias a cada pocillo de una placa Greiner de 96 pocillos y se incubó a 4°C durante la noche. Luego se lavaron los pocillos tres veces con tampón de lavado de PBS (Tween-20 al 0,1% en PBS). A cada pocillo se añadieron 200 μ l de tampón de saturación (polivinilpirrolidona 10 al 2,7% en agua) y las placas se incubaron durante 2 horas a 37°C. Los pocillos se lavaron luego tres veces con tampón de PBT. A cada pocillo se añadieron 200 μ l de suero de dilución (tampón de dilución: 1% de BSA, 0,1% de Tween-20, 0,1% de NaN₃ en PBS) y las placas se incubaron durante 2 horas a 37°C. Los pocillos se lavaron tres veces con PBT. Se añadieron a cada pocillo 100 μ l de suero antirratón (Dako) de ratón HRP-conjugado diluido 1:2000 en tampón de dilución y las placas se incubaron durante 90 minutos a 37°C. Los pocillos se lavaron tres veces con tampón de PBT. Se añadieron a cada pocillo 100 μ l de tampón de sustrato para HPR (25 ml de tampón de citrato pH 5, 10 mg de O-fenildiamina y 10 μ l de H₂O₂) y las placas se dejaron a temperatura ambiente durante 20 minutos. Se añadieron 100 μ l de H₂SO₄ al 12% a cada pocillo y se siguió OD₄₉₀. Los títulos de ELISA se calcularon arbitrariamente como la dilución de suero que daba un valor de OD₄₉₀ de 0,4 por encima de sueros preinmunes. Se consideró que ELISA era positivo cuando la dilución del suero con un OD₄₉₀ de 0,4 era mayor que 1:400.

ES 2 281 409 T3

Análisis de sueros - Ensayo de unión de bacterias FACS-Scan

La cepa acapsulada MenB M7 se cultivó sobre placas de agar con chocolate y se incubó durante la noche a 37°C con 5% de CO₂. De las placas de agar se recogieron colonias de bacterias usando un trapo estéril de dracón y se inocularon en 4 tubos que contenían 8 ml cada una de caldo Mueller-Hinton (Difco) que contenía 0,25% de glucosa. El crecimiento de bacterias se controló cada 30 minutos siguiendo OD₆₂₀. Se dejó que las bacterias crecieran hasta que OD alcanzó el valor de 0,35-0,5. El cultivo se centrifugó a 4000 rpm durante 10 min. Se desechó el material sobrenadante y la pella se puso en suspensión en tampón de bloqueo (1% de BSA en PBS, 0,4% de NaN₃) y se centrifugó a 4000 rpm durante 5 minutos. Se volvió a poner en suspensión las células en tampón de bloqueo para alcanzar un valor de OD₆₂₀ de 0,05. Se añadieron 100 µl de células de bacterias a cada pocillo de una placa Costar de 96 pocillos. A cada pocillo se añadieron 100 µl de suero diluido (1:100, 1:200, 1:400) (en tapón de bloqueo) y las placas se incubaron a 4°C durante 2 horas. Se centrifugaron las células durante 5 minutos a 4000 rpm, se aspiró el material sobrenadante y las células se lavaron añadiendo 200 µl/pocillo de tampón de bloqueo en cada pocillo. Se añadieron a cada pocillo de antirratón de cabra conjugado F(ab)₂ a R-ficoeritrina, diluido 1:100 y las placas se incubaron durante 1 hora a 4°C. Las células se sedimentaron por centrifugación a 4000 rpm durante 5 minutos y se lavaron añadiendo 200 µl/pocillo de tampón de bloqueo. Se aspiró el material sobrenadante y las células se pusieron nuevamente en suspensión en 200 µl/pocillo de PBS, 0,25% de formaldehído. Se pasaron las muestras a tubos para FACScan y se hicieron las lecturas. Los parámetros experimentales para FACScan (potencia del láser 15 mW) fueron: FL2 conect.; umbral de FSC-H: 92; voltaje de FSC PMT: E 01; SSC PMT: 474; aumentos del amp. 6:1; FL-2-PMT: 586; valores de compensación: 0.

Análisis de sueros - ensayo bactericida

Se hizo crecer durante la noche a 37°C, la cepa 2996 de *N. meningitidis* sobre placas de agar con chocolate (a partir de un acopio congelado) con 5% de CO₂. Se recogieron colonias y se usaron para inocular 7 ml de caldo Mueller-Hinton que contenía 0,25% de glucosa para alcanzar un OD₆₂₀ de 0,05-0,08. El cultivo se incubó durante aproximadamente 1,5 horas a 37°C con sacudidas hasta que OD₆₂₀ alcanzó el valor de 0,23-0,24. Las bacterias se diluyeron en tampón de fosfato 50 mM, pH 7,2, que contenía MgCl₂ 10 mM, CaCl₂ 10 mM y 0,5% (p/v) de BSA (tampón de ensayo) a una dilución de trabajo de 10⁵ CFU/ml. El volumen total de la mezcla de reacción final era de 50 µl con 25 µl de suero de ensayo con dilución serial de dos veces, 12,5 µl de bacterial a la dilución de trabajo, 12,5 µl de complemento de conejo joven (concentración final 25%).

Los controles incluían bacterias incubadas con suero complementario, sueros inmunes incubados con bacterias y con complemento inactivados por calentamiento a 55°C durante 30 minutos. Inmediatamente después de añadir el complemento de conejo joven, se cultivaron 10 µl de los controles sobre placas de agar Mueller-Hinton usando el procedimiento de inclinación (tiempo 0). Las placas de agar de 96 pocillos se incubaron durante 1 hora a 37°C con rotación. Se cultivaron 7 µl de cada muestra sobre placas de agar Mueller-Hinton como manchas, mientras que se cultivaron 10 µl de los controles sobre placas de agar Mueller-Hinton usando el procedimiento de inclinación (tiempo 1). Las placas de agar se incubaron a 37°C durante 18 horas y se contaron las colonias correspondientes al tiempo 0 y el tiempo 1.

Análisis de sueros - manchas de transferencia western

Proteínas purificadas (500 ng/hilera), vesículas de membrana exterior (5 µg) y extractos de células totales (25 µg) derivados de la cepa 2996 de MenB se cargaron en gel de SDS al 12%-poliacrilamida y se pasaron a una membrana de nitrocelulosa. La transferencia se hizo durante 2 horas a 150 mA y 4°C usando tampón de transferencia (0,3% de Tris base, 1,44% de glicina, 20% (v/v) de metanol. La membrana se saturó por incubación nocturna a 4°C en tampón de saturación (10% de leche desnatada, 0,1% de Triton X100 en PBS). La membrana se lavó dos veces con tampón de lavado (3% de leche desnatada, 0,1% de TritonX100 en PBS) y se incubó durante 2 horas a 37°C con suero de ratón diluido 1:200 en tampón de lavado. La membrana se lavó dos veces y se incubó durante 90 minutos con una dilución 1:2000 de Ig antirratón marcada con peroxidasa de rábano amargo. La membrana se lavó dos veces con 0,1% de Triton X100 en PBS y se reveló con el kit Opti-4CN Substrate (Bio-Rad). La reacción se paró añadiendo agua.

Los OMVs se prepararon como sigue: Se hizo crecer durante la noche la cepa 2996 de *N. meningitidis* a 37°C con 5% de CO₂ sobre placas 5 GC, se cosechó con un bucle y se volvió a poner en suspensión en 10 ml de Tris-HCl 20 mM, pH 5,2, EDTA 2 mM. La inactivación por calor se realizó a 56°C durante 45 min y las bacterias se rompieron por sonicación durante 5 min sobre hielo (50% de ciclo debido, 50% de producción, sonificador Branson con micropunta de 3 mm). Las células no rotas se eliminaron por centrifugación a 5000 g durante 10 min, se recuperó la parte sobrenadante que contenía la fracción de envoltura de la célula entera y se centrifugó más durante la noche a 50000 g a la temperatura de 4°C. La pella que contenía las membranas se volvió a poner en suspensión en 2% de sarkosyl, Tris-HCl 20 mM, pH 7,5, EDTA 2 mM y se incubó a temperatura ambiente durante 20 minutos para solubilizar las membranas interiores. La suspensión se centrifugó a 10000 para eliminar agregados, se centrifugó luego el material sobrenadante a 50000 g durante 3 horas. La pella, que contenía las membranas externas, se lavó en PBS y se volvió a poner en suspensión en el mismo tampón. La concentración de proteína se midió por el ensayo de proteínas D.C. Bio-Rad (procedimiento de Lowry modificado) usando BSA como patrón.

Se prepararon como sigue extractos de células completas: se hizo crecer durante la noche la cepa 2996 de *N. meningitidis* sobre una placa GC, se cosechó con un bucle y se volvió a poner en suspensión en 1 ml de Tris-HCl 20 mM. La inactivación por calor se realizó a 56°C durante 30 minutos.

ES 2 281 409 T3

Estudios de dominios de 961

5 *Preparación de fracciones celulares.* Se prepararon lisado total, periplasma, material sobrenadante y OMV de clones de *E. coli* que expresan diferentes dominios de 961 usando bacterias de cultivos nocturnos o después de tres horas de inducción con IPTG. En resumen, el periplasma se obtuvo poniendo en suspensión bacterias en sacarosa al 25% y Tris 50 mM (pH 8) con 100 $\mu\text{g/ml}$ de poliximina. Después de 1 hora a temperatura ambiente, se centrifugaron las bacterias a 13000 rpm durante 15 min y se recogió el material sobrenadante. El material sobrenadante del cultivo se filtró con 0,2 μm y se precipitó con TCA al 50% en baño de hielo durante 2 horas. Después de centrifugación (30 min a 13000 rpm), la pella se enjuagó dos veces con etanol al 70% y se volvió a poner en suspensión en PBS. La preparación de OMV se realizó como se ha descrito previamente. Cada fracción celular se analizó por SDS-PAGE o transferencia western usando el antisuero policlonal generado contra GST-961.

15 *Ensayo de adhesión.* Se mantuvieron células epiteliales Chang (derivadas de Wong-Kibourne, clon 1-5c-4, de conjuntiva humana) en DMEM (Gibco) suplementado con 10% de FCS inactivado por calor, L-glutamina 15 mM y antibióticos.

20 Para el ensayo de adherencia, se enjuagaron con PBS cultivos sub-confluentes de células epiteliales Chang y se trataron con tripsina-EDTA (Gibco) para liberarlas del soporte de plástico. Las células se pusieron luego en suspensión en PBS a 5×10^5 células/ml.

25 Se peletizaron bacterias procedentes de cultivos nocturnos o después de inducidas por IPTG y se lavaron dos veces con PBS por centrifugación a 13000 durante 5 minutos. Se incubaron aproximadamente $(2-3) \times 10^8$ (cfu) con 0,5 mg/ml de FITC (Sigma) en 1 ml de tampón que contenía NaHCO_3 50 mM y NaCl 100 mM, pH 8, durante 30 minutos a temperatura ambiente en la oscuridad. Bacterias marcadas por FITC se lavaron 3 veces y se pusieron en suspensión en PBS a $(1-5) \times 10^9$ /ml. Se incubaron 200 μl de esta suspensión $((2-3) \times 10^8)$ con 200 μl (1×10^5) células epiteliales durante 30 minutos a 37°C. Las células se centrifugaron luego a 2000 rpm durante 5 minutos para eliminar bacterias no adherentes, se pusieron en suspensión en 200 μl de PBS, se pasaron a tubos de FACScan y se hicieron las lecturas.

30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento para expresión heteróloga de la proteína “961” de *N. meningitidis*, en el que

(a) la proteína 961 de la cepa MC58 tiene la secuencia “961” de aminoácidos:

**MSMKHFPAKVLTTAILATFCSGALAATSDDDVKKAATVAIIVAAYNNGQEINGFKAGETIYDIGE
DGTITQKDATAADVEADDFKGLGLKVVNTLTKTVNENKQNVDAKVKAAESEIEKLTTKLADTD
AALADTDAALDETTNALNKLGENITTTAEETKTNI VKI DEKLEAVADTVDKHAEAFNDIADSLD
ETNTKADEAVKTANEAKQTAEETKQNVDAKVKAAETAAGKAEAAAGTANTAADKAEVAAKVTD
IKADIATNKADI AKNSARIDSLDKNVANLRKETROGLAEQAALSGLFQPNVGRFNVTAAVGGY
KSESAVAIGTGFRFTENFAAKAGVAVGTSSGSSAAYHVG VNYEW**

y en el que

(b) al menos un dominio de la proteína está suprimido, en el que los dominios de “961” de la cepa MC58 son como sigue: (1) aminoácidos 1-23; (2) aminoácidos 24-268; (3) aminoácidos 269-307 y (4) aminoácidos 308-364

y en el que la proteína “961” se expresa en una célula hospedadora.

2. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que no se usa un partícipe de fusión para expresión de la proteína.

3. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que la proteína incluye una etiqueta His C terminal.

4. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que la proteína incluye una GST N terminal.

5. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que la proteína “961” es la porción N terminal de una proteína híbrida.

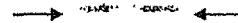
6. Una proteína expresada por el procedimiento de cualquier reivindicación precedente.

FIGURA 4

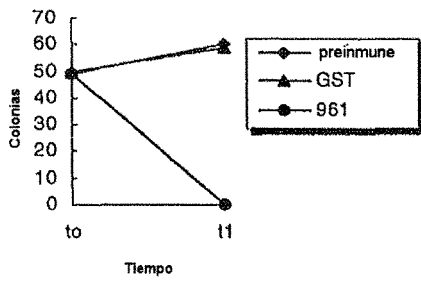
M1 961



TP OMV

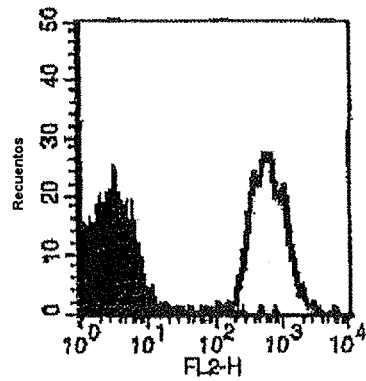


PURIFICACIÓN



ENSAYO BACTERICIDA

WESTERN BLOT



FACS

ELISA: POSITIVO

FIGURA 12

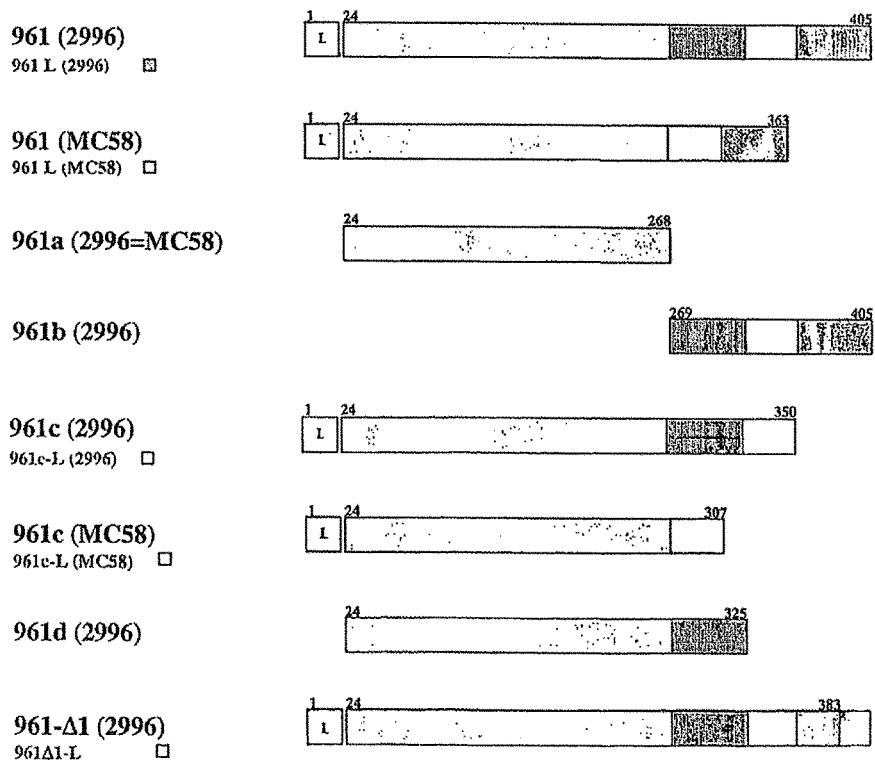


FIGURA 14

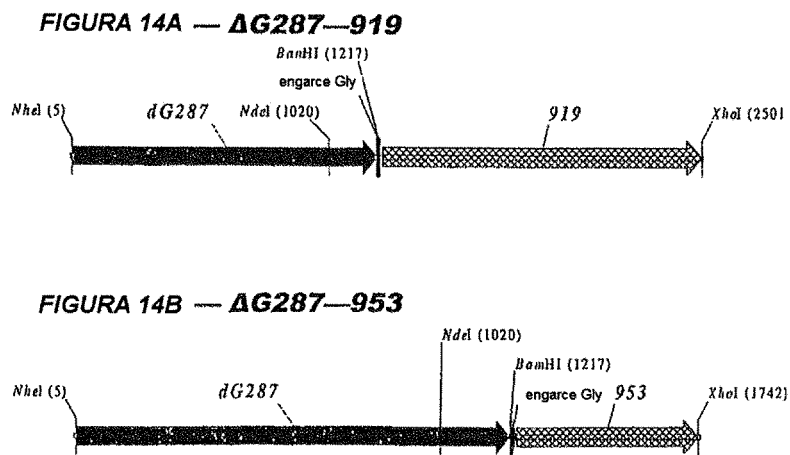


FIGURA 14C — ΔG287—961

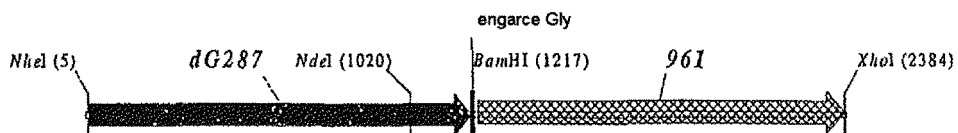


FIGURA 14D — ΔG287NZ—919

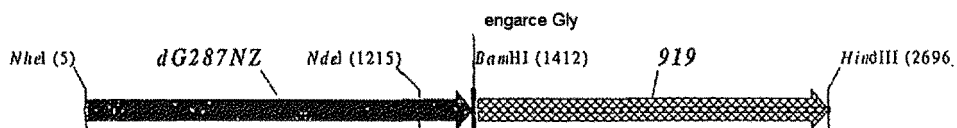


FIGURA 14E — ΔG287NZ—953



FIGURA 14F — ΔG287NZ—961

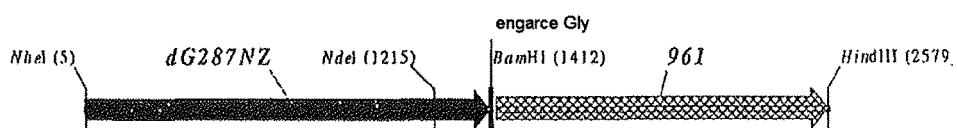


FIGURA 14G — ΔG983-ORF46.1



FIGURA 14H — ΔG983-741



FIGURA 14I — ΔG983-961



FIGURA 14J — ΔG983-961c



FIGURA 14K — ΔG741-961



FIGURA 14L — ΔG741-961c



FIGURA 14M — ΔG741-983

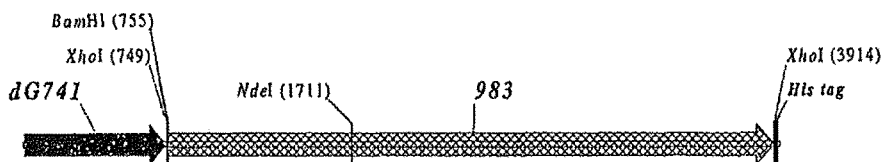


FIGURA 14N — ΔG741-ORF46.1

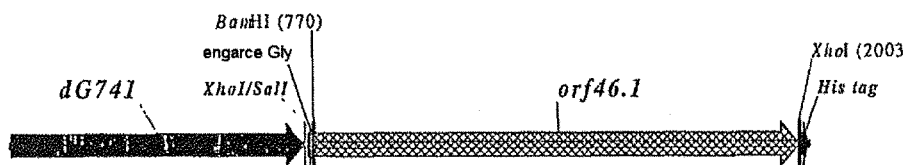


FIGURA 14O — ORF46.1-741

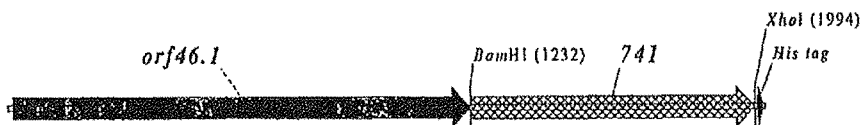


FIGURA 14P — ORF46.1-961

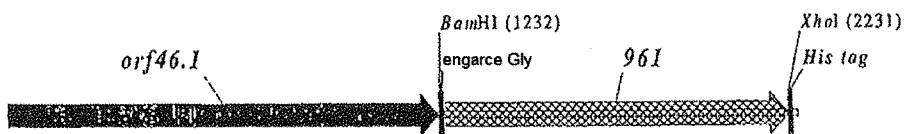


FIGURA 14Q — ORF46.1-961c

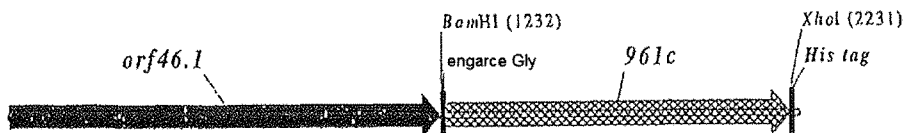


FIGURA 14R — 961-ORF46.1



FIGURA 14S — 961-741

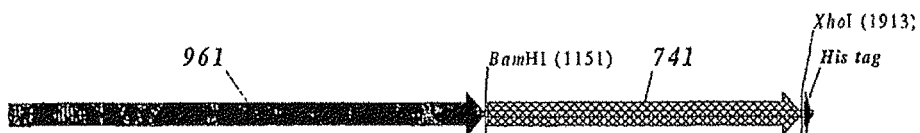


FIGURA 14T — 961-983

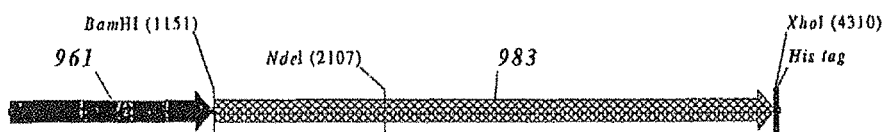


FIGURA 14U — 961c-ORF46.1



FIGURA 14V — 961c-741

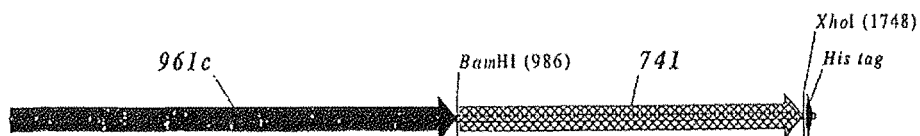


FIGURA 14W — 961c-983

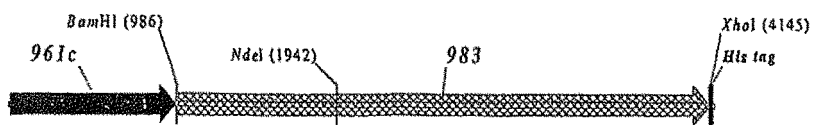


FIGURA 14X — 961cL-ORF46.1

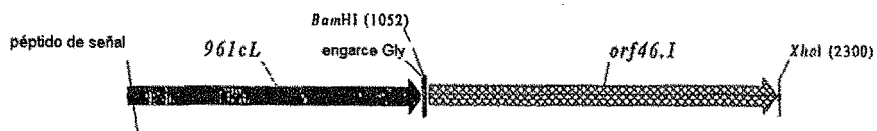
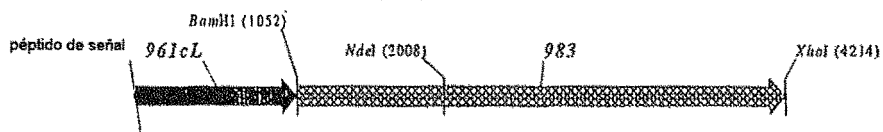


FIGURA 14Y — 961cL-741



FIGURA 14Z — 961cL-983



ES 2 281 409 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Chiron SpA

5 <120> Expresión Heteróloga de Proteínas Neisseria

<130> PO24049WO

10 <140> PCT/IB01/00452

<141> 2001-02-28

<150> 0004695.3

15 <151> 2000-02-28

<160> 620

20 <170> SeqWin99, versión 1.02

<210> 1

<211> 441

25 <212> PRT

<213> *Neisseria meningitidis*

<400> 1

30

Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Leu Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15

35

Ile Leu Ala Ala Cys Gln Ser Lys Ser Ile Gln Thr Phe Pro Gln Pro
20 25 30

40

Asp Thr Ser Val Ile Asn Gly Pro Asp Arg Pro Val Gly Ile Pro Asp
35 40 45

45

Pro Ala Gly Thr Thr Val Gly Gly Gly Gly Ala Val Tyr Thr Val Val
50 55 60

50

Pro His Leu Ser Leu Pro His Trp Ala Ala Gln Asp Phe Ala Lys Ser
65 70 75 80

Leu Gln Ser Phe Arg Leu Gly Cys Ala Asn Leu Lys Asn Arg Gln Gly
85 90 95

55

Trp Gln Asp Val Cys Ala Gln Ala Phe Gln Thr Pro Val His Ser Phe
100 105 110

Gln Ala Lys Gln Phe Phe Glu Arg Tyr Phe Thr Pro Trp Gln Val Ala
115 120 125

60

Gly Asn Gly Ser Leu Ala Gly Thr Val Thr Gly Tyr Tyr Glu Pro Val
130 135 140

65

Leu Lys Gly Asp Asp Arg Arg Thr Ala Gln Ala Arg Phe Pro Ile Tyr
145 150 155 160

ES 2 281 409 T3

Gly Ile Pro Asp Asp Phe Ile Ser Val Pro Leu Pro Ala Gly Leu Arg
 165 170 175
 5 Ser Gly Lys Ala Leu Val Arg Ile Arg Gln Thr Gly Lys Asn Ser Gly
 180 185 190
 Thr Ile Asp Asn Thr Gly Gly Thr His Thr Ala Asp Leu Ser Arg Phe
 195 200 205
 10 Pro Ile Thr Ala Arg Thr Thr Ala Ile Lys Gly Arg Phe Glu Gly Ser
 210 215 220
 Arg Phe Leu Pro Tyr His Thr Arg Asn Gln Ile Asn Gly Gly Ala Leu
 225 230 235 240
 Asp Gly Lys Ala Pro Ile Leu Gly Tyr Ala Glu Asp Pro Val Glu Leu
 245 250 255
 20 Phe Phe Met His Ile Gln Gly Ser Gly Arg Leu Lys Thr Pro Ser Gly
 260 265 270
 Lys Tyr Ile Arg Ile Gly Tyr Ala Asp Lys Asn Glu His Pro Tyr Val
 275 280 285
 25 Ser Ile Gly Arg Tyr Met Ala Asp Lys Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Cln
 290 295 300
 Thr Ser Met Gln Gly Ile Lys Ala Tyr Met Arg Gln Asn Pro Gln Arg
 305 310 315 320
 Leu Ala Glu Val Leu Gly Gln Asn Pro Ser Tyr Ile Phe Phe Arg Glu
 325 330 335
 35 Leu Ala Gly Ser Ser Asn Asp Gly Pro Val Gly Ala Leu Gly Thr Pro
 340 345 350
 Leu Met Gly Glu Tyr Ala Gly Ala Val Asp Arg His Tyr Ile Thr Leu
 355 360 365
 40 Gly Ala Pro Leu Phe Val Ala Thr Ala His Pro Val Thr Arg Lys Ala
 370 375 380
 Leu Asn Arg Leu Ile Met Ala Gln Asp Thr Gly Ser Ala Ile Lys Gly
 385 390 395 400
 Ala Val Arg Val Asp Tyr Phe Trp Gly Tyr Gly Asp Glu Ala Gly Glu
 405 410 415
 50 Leu Ala Gly Lys Gln Lys Thr Thr Gly Tyr Val Trp Gln Leu Leu Pro
 420 425 430
 Asn Gly Met Lys Pro Glu Tyr Arg Pro
 435 440
 55

<210> 2

<211> 420

60 <212> PRT

<213> *Neisseria meningitidis*

65

ES 2 281 409 T3

<400> 2

5 Gln Ser Lys Ser Ile Gln Thr Phe Pro Gln Pro Asp Thr Ser Val Ile
 1 5 10 15
 10 Asn Gly Pro Asp Arg Pro Val Gly Ile Pro Asp Pro Ala Gly Thr Thr
 20 25 30
 15 Val Gly Gly Gly Gly Ala Val Tyr Thr Val Val Pro His Leu Ser Leu
 35 40 45
 20 Pro His Trp Ala Ala Gln Asp Phe Ala Lys Ser Leu Gln Ser Phe Arg
 50 55 60
 25 Leu Gly Cys Ala Asn Leu Lys Asn Arg Gln Gly Trp Gln Asp Val Cys
 65 70 75 80
 30 Ala Gln Ala Phe Gln Thr Pro Val His Ser Phe Gln Ala Lys Gln Phe
 85 90 95
 35 Phe Glu Arg Tyr Phe Thr Pro Trp Gln Val Ala Gly Asn Gly Ser Leu
 100 105 110
 40 Ala Gly Thr Val Thr Gly Tyr Tyr Glu Pro Val Leu Lys Gly Asp Asp
 115 120 125
 45 Arg Arg Thr Ala Gln Ala Arg Phe Pro Ile Tyr Gly Ile Pro Asp Asp
 130 135 140
 50 Phe Ile Ser Val Pro Leu Pro Ala Gly Leu Arg Ser Gly Lys Ala Leu
 145 150 155 160
 55 Val Arg Ile Arg Gln Thr Gly Lys Asn Ser Gly Thr Ile Asp Asn Thr
 165 170 175
 60 Gly Gly Thr His Thr Ala Asp Leu Ser Arg Phe Pro Ile Thr Ala Arg
 180 185 190
 65 Thr Thr Ala Ile Lys Gly Arg Phe Glu Gly Ser Arg Phe Leu Pro Tyr
 195 200 205
 70 His Thr Arg Asn Gln Ile Asn Gly Gly Ala Leu Asp Gly Lys Ala Pro
 210 215 220
 75 Ile Leu Gly Tyr Ala Glu Asp Pro Val Glu Leu Phe Phe Met His Ile
 225 230 235 240
 80 Gln Gly Ser Gly Arg Leu Lys Thr Pro Ser Gly Lys Tyr Ile Arg Ile
 245 250 255
 85 Gly Tyr Ala Asp Lys Asn Glu His Pro Tyr Val Ser Ile Gly Arg Tyr
 260 265 270
 90 Met Ala Asp Lys Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Gln Thr Ser Met Gln Gly
 275 280 285

ES 2 281 409 T3

Ile Lys Ala Tyr Met Arg Gln Asn Pro Gln Arg Leu Ala Glu Val Leu
 290 295 300

5 Gly Gln Asn Pro Ser Tyr Ile Phe Phe Arg Glu Leu Ala Gly Ser Ser
 305 310 315 320

Asn Asp Gly Pro Val Gly Ala Leu Gly Thr Pro Leu Met Gly Glu Tyr
 325 330 335

10 Ala Gly Ala Val Asp Arg His Tyr Ile Thr Leu Gly Ala Pro Leu Phe
 340 345 350

15 Val Ala Thr Ala His Pro Val Thr Arg Lys Ala Leu Asn Arg Leu Ile
 355 360 365

Met Ala Gln Asp Thr Gly Ser Ala Ile Lys Gly Ala Val Arg Val Asp
 370 375 380

20 Tyr Phe Trp Gly Tyr Gly Asp Glu Ala Gly Glu Leu Ala Gly Lys Gln
 385 390 395 400

25 Lys Thr Thr Gly Tyr Val Trp Gln Leu Leu Pro Asn Gly Met Lys Pro
 405 410 415

Glu Tyr Arg Pro
 420

30

<210> 3
 <211> 440
 35 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 40 <223> 919

<400> 3

45 Met Lys Thr Phe Phe Lys Thr Leu Ser Ala Ala Ala Leu Ala Leu Ile
 1 5 10 15

Leu Ala Ala Cys Gln Ser Lys Ser Ile Gln Thr Phe Pro Gln Pro Asp
 20 25 30

50 Thr Ser Val Ile Asn Gly Pro Asp Arg Pro Val Gly Ile Pro Asp Pro
 35 40 45

55 Ala Gly Thr Thr Val Gly Gly Gly Ala Val Tyr Thr Val Val Pro
 50 55 60

His Leu Ser Leu Pro His Trp Ala Ala Gln Asp Phe Ala Lys Ser Leu
 65 70 75 80

60 Gln Ser Phe Arg Leu Gly Cys Ala Asn Leu Lys Asn Arg Gln Gly Trp
 85 90 95

65 Gln Asp Val Cys Ala Gln Ala Phe Gln Thr Pro Val His Ser Phe Gln
 100 105 110

ES 2 281 409 T3

Ala Lys Gln Phe Phe Glu Arg Tyr Phe Thr Pro Trp Gln Val Ala Gly
 115 120 125

5 Asn Gly Ser Leu Ala Gly Thr Val Thr Gly Tyr Tyr Glu Pro Val Leu
 130 135 140

Lys Gly Asp Asp Arg Arg Thr Ala Gln Ala Arg Phe Pro Ile Tyr Gly
 145 150 155 160

10 Ile Pro Asp Asp Phe Ile Ser Val Pro Leu Pro Ala Gly Leu Arg Ser
 165 170 175

Gly Lys Ala Leu Val Arg Ile Arg Gln Thr Gly Lys Asn Ser Gly Thr
 180 185 190

15 Ile Asp Asn Thr Gly Gly Thr His Thr Ala Asp Leu Ser Arg Phe Pro
 195 200 205

20 Ile Thr Ala Arg Thr Thr Ala Ile Lys Gly Arg Phe Glu Gly Ser Arg
 210 215 220

Phe Leu Pro Tyr His Thr Arg Asn Gln Ile Asn Gly Gly Ala Leu Asp
 225 230 235 240

25 Gly Lys Ala Pro Ile Leu Gly Tyr Ala Glu Asp Pro Val Glu Leu Phe
 245 250 255

Phe Met His Ile Gln Gly Ser Gly Arg Leu Lys Thr Pro Ser Gly Lys
 260 265 270

30 Tyr Ile Arg Ile Gly Tyr Ala Asp Lys Asn Glu His Pro Tyr Val Ser
 275 280 285

35 Ile Gly Arg Tyr Met Ala Asp Lys Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Gln Thr
 290 295 300

Ser Met Gln Gly Ile Lys Ser Tyr Met Arg Gln Asn Pro Gln Arg Leu
 305 310 315 320

40 Ala Glu Val Leu Gly Gln Asn Pro Ser Tyr Ile Phe Phe Arg Glu Leu
 325 330 335

45 Ala Gly Ser Ser Asn Asp Gly Pro Val Gly Ala Leu Gly Thr Pro Leu
 340 345 350

Met Gly Glu Tyr Ala Gly Ala Val Asp Arg His Tyr Ile Thr Leu Gly
 355 360 365

50 Ala Pro Leu Phe Val Ala Thr Ala His Pro Val Thr Arg Lys Ala Leu
 370 375 380

Asn Arg Leu Ile Met Ala Gln Asp Thr Gly Ser Ala Ile Lys Gly Ala
 385 390 395 400

55 Val Arg Val Asp Tyr Phe Trp Gly Tyr Gly Asp Glu Ala Gly Glu Leu
 405 410 415

60 Ala Gly Lys Gln Lys Thr Thr Gly Tyr Val Trp Gln Leu Leu Pro Asn
 420 425 430

Gly Met Lys Pro Glu Tyr Arg Pro
 435 440

65

ES 2 281 409 T3

<210> 4

<211> 58

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> 907-2. pep

10

<400> 4

15 Glu Arg Arg Arg Leu Leu Val Asn Ile Gln Tyr Glu Ser Ser Arg Ala
 1 5 10 15

 Gly Leu Asp Thr Gln Ile Val Leu Gly Leu Ile Glu Val Glu Ser Ala
 20 25 30

20 Phe Arg Gln Tyr Ala Ile Ser Gly Val Gly Ala Arg Gly Leu Met Gln
 35 40 45

 Val Met Pro Phe Trp Lys Asn Tyr Ile Gly
 50 55

25

<210> 5

<211> 60

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<200>

35 <223> *Escherichia coli*

<400> 5

40 Glu Arg Phe Pro Leu Ala Tyr Asn Asp Leu Phe Lys Arg Tyr Thr Ser
 1 5 10 15

 Gly Lys Glu Ile Pro Gln Ser Tyr Ala Met Ala Ile Ala Arg Gln Glu
 20 25 30

45 Ser Ala Trp Asn Pro Lys Val Lys Ser Pro Val Gly Ala Ser Gly Leu
 35 40 45

50 Met Gln Ile Met Pro Gly Thr Ala Thr His Thr Val
 50 55 60

50

<210> 6

55 <211> 120

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> 922.pep

65

ES 2 281 409 T3

<400> 6

5 Val Ala Gln Lys Tyr Gly Val Pro Ala Glu Leu Ile Val Ala Val Ile
1 5 10 15
Gly Ile Glu Thr Asn Tyr Gly Lys Asn Thr Gly Ser Phe Arg Val Ala
20 25 30
10 Asp Ala Leu Ala Thr Leu Gly Phe Asp Tyr Pro Arg Arg Ala Gly Phe
35 40 45
15 Phe Gln Lys Glu Leu Val Glu Leu Leu Lys Leu Ala Lys Glu Glu Gly
50 55 60
Gly Asp Val Phe Ala Phe Lys Gly Ser Tyr Ala Gly Ala Met Gly Met
65 70 75 80
20 Pro Gln Phe Met Pro Ser Ser Tyr Arg Lys Trp Ala Val Asp Tyr Asp
85 90 95
25 Gly Asp Gly His Arg Asp Ile Trp Gly Asn Val Gly Asp Val Ala Ala
100 105 110
Ser Val Ala Asn Tyr Met Lys Gln
115 120

30 <210> 7

<211> 119

<212> PRT

35 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> *Escherichia coli*

40 <400> 7

45 Ala Trp Gln Val Tyr Gly Val Pro Pro Glu Ile Ile Val Gly Ile Ile
1 5 10 15
Gly Val Glu Thr Arg Trp Gly Arg Val Met Gly Lys Thr Arg Ile Leu
20 25 30
50 Asp Ala Leu Ala Thr Leu Ser Phe Asn Tyr Pro Arg Arg Ala Glu Tyr
35 40 45
Phe Ser Gly Glu Leu Glu Thr Phe Leu Leu Met Ala Arg Asp Glu Gln
50 55 60
55 Asp Asp Pro Leu Asn Leu Lys Gly Ser Phe Ala Gly Ala Met Gly Tyr
65 70 75 80
60 Gly Gln Phe Met Pro Ser Ser Tyr Lys Gln Tyr Ala Val Asp Phe Ser
85 90 95
Gly Asp Gly His Ile Asn Leu Trp Asp Pro Val Asp Ala Ile Gly Ser
100 105 110
65 Val Ala Asn Tyr Phe Lys Ala
115

ES 2 281 409 T3

<210> 8

<211> 194

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> 919.pep

10

<400> 8

15 Ala Leu Asp Gly Lys Ala Pro Ile Leu Gly Tyr Ala Glu Asp Pro Val
1 5 10 15

Glu Leu Phe Phe Met His Ile Gln Gly Ser Gly Arg Leu Lys Thr Pro
20 20 25 30

Ser Gly Lys Tyr Ile Arg Ile Gly Tyr Ala Asp Lys Asn Glu His Pro
25 35 40 45

Tyr Val Ser Ile Gly Arg Tyr Met Ala Asp Lys Gly Tyr Leu Lys Leu
30 50 55 60

Gly Gln Thr Ser Met Gln Gly Ile Lys Ser Tyr Met Arg Gln Asn Pro
35 65 70 75 80

Gln Arg Leu Ala Glu Val Leu Gly Gln Asn Pro Ser Tyr Ile Phe Phe
40 85 90 95

Arg Glu Leu Ala Gly Ser Ser Asn Asp Gly Pro Val Gly Ala Leu Gly
45 100 105 110

Thr Pro Leu Met Gly Glu Tyr Ala Gly Ala Val Asp Arg His Tyr Ile
50 115 120 125

Thr Leu Gly Ala Pro Leu Phe Val Ala Thr Ala His Pro Val Thr Arg
55 130 135 140

Lys Ala Leu Asn Arg Leu Ile Met Ala Gln Asp Thr Gly Ser Ala Ile
60 145 150 155 160

Lys Gly Ala Val Arg Val Asp Tyr Phe Trp Gly Tyr Gly Asp Glu Ala
65 165 170 175

Gly Glu Leu Ala Gly Lys Gln Lys Thr Thr Gly Tyr Val Trp Gln Leu
70 180 185 190

Leu Pro

55 <210> 9

<211> 196

<212> PRT

60 <213> *Escherichia coli*

<400>9

65 Ala Leu Ser Asp Lys Tyr Ile Leu Ala Tyr Ser Asn Ser Leu Met Asp
1 5 10 15

ES 2 281 409 T3

Asn Phe Ile Met Asp Val Gln Gly Ser Gly Tyr Ile Asp Phe Gly Asp
 20 25 30
 5 Gly Ser Pro Leu Asn Phe Phe Ser Tyr Ala Gly Lys Asn Gly His Ala
 35 40 45
 Tyr Arg Ser Ile Gly Lys Val Leu Ile Asp Arg Gly Glu Val Lys Lys
 10 50 55 60
 Glu Asp Met Ser Met Gln Ala Ile Arg His Trp Gly Glu Thr His Ser
 65 70 75 80
 15 Glu Ala Glu Val Arg Glu Leu Leu Glu Gln Asn Pro Ser Phe Val Phe
 85 90 95
 Phe Lys Pro Gln Ser Phe Ala Pro Val Lys Gly Ala Ser Ala Val Pro
 100 105 110
 20 Leu Val Gly Arg Ala Ser Val Ala Ser Asp Arg Ser Ile Ile Pro Pro
 115 120 125
 25 Gly Thr Thr Leu Leu Ala Glu Val Pro Leu Leu Asp Asn Asn Gly Lys
 130 135 140
 Phe Asn Gly Gln Tyr Glu Leu Arg Leu Met Val Ala Leu Asp Val Gly
 145 150 155 160
 30 Gly Ala Ile Lys Gly Gln His Phe Asp Ile Tyr Gln Gly Ile Gly Pro
 165 170 175
 35 Glu Ala Gly His Arg Ala Gly Trp Tyr Asn His Tyr Gly Arg Val Trp
 180 185 190
 40 Val Leu Lys Thr
 195

<210> 10

<211> 28

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Oligonucleótido

<400> 10

cgaagacccc gtcggtcttt ttttatg

28

<210> 11

<211> 28

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Oligonucleótido

ES 2 281 409 T3

<400> 11	
gtgcataaaa aaaagaccga cgggtct	28
5	
<210> 12	
<211> 25	
<212> ADN	
10 <213> Secuencia Artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
15	
<400> 12	
aacgcctcgc cgggtttg gtca	25
20	
<210> 13	
<211> 25	
<212> ADN	
25 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
30	
<400> 13	
tttgacccaa aacaccggcg aggcg	25
35	
<210> 14	
<211> 26	
<212> ADN	
40 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
45	
<400> 14	
tgccggcgca gtcggtcggc actaca	26
50	
<210> 15	
<211> 26	
<212> ADN	
55 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
60	
<400> 15	
taatgtagtg ccgaccgact gcgccg	26
65	
<210> 16	
<211> 25	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 16	
10	tgattgaggt gggtagcgcg ttccg	25
	<210> 17	
15	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 17	
25	ggcgggaacgc gctaccacc tcaat	25
	<210> 18	
30	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 18	
40	ccggaattct tatgaaaaa atcatctcg ccgc	34
	<210> 19	
45	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 19	
55	gcccaagctt ttattgttg gctgcctcga tt	32
	<210> 20	
60	<211> 37	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 20	
	ccggaattct tatgtcgccc gatgtaaat cggcgga	37
5	<210> 21	
	<211> 32	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 21	
	gcccaagctt tcaatcctgc tctttttg cg	32
20	<210> 22	
	<211> 34	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 22	
	ccggaattct tatgagccaa gatatggcgg cagt	34
35	<210> 23	
	<211> 32	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 23	
	gcccaagctt tcaatcctgc tcttttt cg	32
50	<210> 24	
	<211> 34	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 24	
	ccggaattct tatgtcggcc gaatccgcaa atca	34
65	<210> 25	
	<211> 32	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 25	
10	gccaagctt tcaatcctgc tctttttgc cg	32
	<210> 26	
15	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 26	
25	ccggaattct tatggaagg gttgattgg ctaatg	36
	<210> 27	
30	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 27	
40	gccaagctt tcaatcctgc tctttttgc cg	32
	<210> 28	
45	<211> 36	
	<213> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 28	
55	ccggaattct tatgcagat ttgcaacg attctt	36
	<210> 29	
60	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

<400> 29	
gccaagctt ttacgtatca tatttcacgt gcttc	35
5	
<210> 30	
<211> 37	
<212> ADN	
10 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
15	
<400> 30	
ccggaattct tatgtcgccc gatgttaaat cggcgga	37
20	
<210> 31	
<211> 35	
<212> ADN	
25 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
30	
<400> 31	
gccaagctt ttacgtatca tatttcacgt gcttc	35
35	
<210> 32	
<211> 36	
<212> ADN	
40 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
45	
<400> 32	
ccggaattct tatgcaaagc aagagcatcc aaacct	36
50	
<210> 33	
<211> 30	
<212> ADN	
55 <213> Secuencia artificial	
<220>	
<223> Oligonucleótido	
60	
<400> 33	
gccaagctt ttacgggcgg tattcgggct	30
65	
<210> 34	
<211> 29	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 34	
10	ccggaattca tatgaaacac ttccatcc	29
	<210> 35	
15	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 35	
25	gcccaagctt ttaccactcg taattgac	28
	<210> 36	
30	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 36	
40	ccggaattca tatggccaca agcgacgac	29
	<210> 37	
45	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 37	
55	gcccaagctt ttaccactcg taattgac	28
	<210> 38	
60	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 38	
	ccggaattct tatgaaacac ttccatccc	29
5	<210> 39	
	<211> 31	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 39	
	gcccaagctt tcaaccacg ttgtaagtt g	31
20	<210> 40	
	<211> 30	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 40	
	ccggaattct tatggccaca aacgacgacg	30
35	<210> 41	
	<211> 31	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 41	
	gcccaagctt tcaaccacg ttgtaagtt g	31
50	<210> 42	
	<211> 34	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 42	
	ccggaattct tatggccacc tacaaagtgg acga	34
65	<210> 43	
	<211> 32	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 43	
10	gccaagctt ttattgtg gctgcctcga tt	32
	<210> 44	
15	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 44	
25	cgcgatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
	<210> 45	
30	<211> 31	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 45	
40	cccgtcag tcaatcctgc tctttttgc c	31
	<210> 46	
45	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 46	
55	cgcgatccg ctagccaaga tatggcggca gt	32
	<210> 47	
60	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 47	
	cgcggatccg ctacgcccga atccgcaaat ca	32
5	<210> 48	
	<211> 32	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 48	
	cgcgctagcg gaagggttga tfggctaata gg	32
20	<210> 49	
	<211> 34	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 49	
	gggaattcca tatgggcatt tcccgaataa tata	34
35	<210> 50	
	<211> 32	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 50	
	cccgcctcag ttacgtatca tattcacgt gc	32
50	<210> 51	
	<211> 34	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 51	
	gggaattcca tatgggcatt tcccgaataa tata	34
65	<210> 52	
	<211> 33	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 52	
10	cccgctcgag ttattctatg ccttgtgcgg cat	33
	<210> 53	
15	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 53	
25	cgcgatccc atatggccac aagcgacgac ga	32
	<210> 54	
30	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 54	
40	cccgctcgag ttaccactcg taattgac	28
	<210> 55	
45	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 55	
55	cgcgatccc atatggccac aaacgacg	28
	<210> 56	
60	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 56	
	cccgcctcgag tcatttagca atattatctt tgttc	35
5	<210> 457	
	<211> 33	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 57	
	cgcgatccc atatgaaagc aaacagtgcc gac	33
20	<210> 58	
	<211> 28	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 58	
	cccgcctcgag ttaccactcg taattgac	28
35	<210> 59	
	<211> 328	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 59	
	cgcgatccc atatggccac aaacgacg	28
50	<210> 60	
	<211> 29	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 60	
	cccgcctcgag ttaaccacg ttgtaaggt	29
65	<210> 61	
	<211> 33	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 61	
10	cgcgatccc atatgatgaa acactttcca tcc	33
	<210> 62	
15	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 62	
25	cccgtcgcg ttaaccacg ttgtaaggt	29
	<210> 63	
30	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 63	
40	cgcgatccc atatggccac aaacgacg	28
	<210> 64	
45	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 64	
55	cccgtcgcg tcagtctgac actgtttat cc	32
	<210> 65	
60	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 65	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
5	<210> 66	
	<211> 27	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 66	
	cccgctcgag ttacgggagg tattcgg	27
20	<210> 67	
	<211> 32	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 67	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
35	<210> 68	
	<211> 32	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 68	
	cccgctcgag ttacgtatca tattcacgt gc	32
50	<210> 69	
	<211> 32	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 69	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
65	<210> 70	
	<211> 28	

ES 2 281 409 T3

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Oligonucleótido

<400> 70

10

cccgctcgag ttaccactcg taattgac

28

<210> 71

15 <211> 1457

<212> PRT

<213> *Neisseria meningitidis*

20 <400> 71

	Met	Lys	Thr	Thr	Asp	Lys	Arg	Thr	Thr	Glu	Thr	His	Arg	Lys	Ala	Pro
	1				5					10					15	
25	Lys	Thr	Gly	Arg	Ile	Arg	Phe	Ser	Pro	Ala	Tyr	Leu	Ala	Ile	Cys	Leu
			20						25					30		
30	Ser	Phe	Gly	Ile	Leu	Pro	Gln	Ala	Tyr	Ala	Gly	His	Thr	Tyr	Phe	Gly
			35				40						45			
35	Ile	Asn	Tyr	Gln	Tyr	Tyr	Arg	Asp	Phe	Ala	Glu	Asn	Lys	Gly	Lys	Phe
	50						55					60				
40	Ala	Val	Gly	Ala	Lys	Asp	Ile	Glu	Val	Tyr	Asn	Lys	Lys	Gly	Glu	Leu
	65				70						75					80
45	Val	Gly	Lys	Ser	Met	Thr	Lys	Ala	Pro	Met	Ile	Asp	Phe	Ser	Val	Val
				85						90					95	
50	Ser	Arg	Asn	Gly	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Gly	Asp	Gln	Tyr	Ile	Val	Ser
			100						105					110		
55	Val	Ala	His	Asn	Gly	Gly	Tyr	Asn	Asn	Val	Asp	Phe	Gly	Ala	Glu	Gly
			115					120					125			
60	Arg	Asn	Pro	Asp	Gln	His	Arg	Phe	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Arg	Asn
	130						135					140				
65	Asn	Tyr	Lys	Ala	Gly	Thr	Lys	Gly	His	Pro	Tyr	Gly	Gly	Asp	Tyr	His

ES 2 281 409 T3

	145	150	155	160
5	Met Pro Arg Leu His Lys Phe Val Thr Asp Ala Glu Pro Val Glu Met	165	170	175
	Thr Ser Tyr Met Asp Gly Arg Lys Tyr Ile Asp Gln Asn Asn Tyr Pro	180	185	190
10	Asp Arg Val Arg Ile Gly Ala Gly Arg Gln Tyr Trp Arg Ser Asp Glu	195	200	205
	Asp Glu Pro Asn Asn Arg Glu Ser Ser Tyr His Ile Ala Ser Ala Tyr	210	215	220
15	Ser Trp Leu Val Gly Gly Asn Thr Phe Ala Gln Asn Gly Ser Gly Gly	225	230	240
	Gly Thr Val Asn Leu Gly Ser Glu Lys Ile Lys His Ser Pro Tyr Gly	245	250	255
20	Phe Leu Pro Thr Gly Gly Ser Phe Gly Asp Ser Gly Ser Pro Met Phe	260	265	270
	Ile Tyr Asp Ala Gln Lys Gln Lys Trp Leu Ile Asn Gly Val Leu Gln	275	280	285
25	Thr Gly Asn Pro Tyr Ile Gly Lys Ser Asn Gly Phe Gln Leu Val Arg	290	295	300
	Lys Asp Trp Phe Tyr Asp Glu Ile Phe Ala Gly Asp Thr His Ser Val	305	310	320
30	Phe Tyr Glu Pro Arg Gln Asn Gly Lys Tyr Ser Phe Asn Asp Asp Asn	325	330	335
	Asn Gly Thr Gly Lys Ile Asn Ala Lys His Glu His Asn Ser Leu Pro	340	345	350
35	Asn Arg Leu Lys Thr Arg Thr Val Gln Leu Phe Asn Val Ser Leu Ser	355	360	365
	Glu Thr Ala Arg Glu Pro Val Tyr His Ala Ala Gly Gly Val Asn Ser	370	375	380
40	Tyr Arg Pro Arg Leu Asn Asn Gly Glu Asn Ile Ser Phe Ile Asp Glu	385	390	400
	Gly Lys Gly Glu Leu Ile Leu Thr Ser Asn Ile Asn Gln Gly Ala Gly	405	410	415
45	Gly Leu Tyr Phe Gln Gly Asp Phe Thr Val Ser Pro Glu Asn Asn Glu	420	425	430
	Thr Trp Gln Gly Ala Gly Val His Ile Ser Glu Asp Ser Thr Val Thr	435	440	445
50	Trp Lys Val Asn Gly Val Ala Asn Asp Arg Leu Ser Lys Ile Gly Lys			

ES 2 281 409 T3

	450		455		460														
5	Gly	Thr	Leu	His	Val	Gln	Ala	Lys	Gly	Glu	Asn	Gln	Gly	Ser	Ile	Ser			
	465					470					475					480			
	Val	Gly	Asp	Gly	Thr	Val	Ile	Leu	Asp	Gln	Gln	Ala	Asp	Asp	Lys	Gly			
					485					490					495				
10	Lys	Lys	Gln	Ala	Phe	Ser	Glu	Ile	Gly	Leu	Val	Ser	Gly	Arg	Gly	Thr			
				500					505					510					
	Val	Gln	Leu	Asn	Ala	Asp	Asn	Gln	Phe	Asn	Pro	Asp	Lys	Leu	Tyr	Phe			
			515					520					525						
15	Gly	Phe	Arg	Gly	Gly	Arg	Leu	Asp	Leu	Asn	Gly	His	Ser	Leu	Ser	Phe			
	530						535					540							
	His	Arg	Ile	Gln	Asn	Thr	Asp	Glu	Gly	Ala	Met	Ile	Val	Asn	His	Asn			
20	545					550					555					560			
	Gln	Asp	Lys	Glu	Ser	Thr	Val	Thr	Ile	Thr	Gly	Asn	Lys	Asp	Ile	Ala			
					565					570					575				
25	Thr	Thr	Gly	Asn	Asn	Asn	Ser	Leu	Asp	Ser	Lys	Lys	Glu	Ile	Ala	Tyr			
				580					585						590				
	Asn	Gly	Trp	Phe	Gly	Glu	Lys	Asp	Thr	Thr	Lys	Thr	Asn	Gly	Arg	Leu			
			595					600					605						
30	Asn	Leu	Val	Tyr	Gln	Pro	Ala	Ala	Glu	Asp	Arg	Thr	Leu	Leu	Leu	Ser			
	610						615					620							
	Gly	Gly	Thr	Asn	Leu	Asn	Gly	Asn	Ile	Thr	Gln	Thr	Asn	Gly	Lys	Leu			
35	625					630					635					640			
	Phe	Phe	Ser	Gly	Arg	Pro	Thr	Pro	His	Ala	Tyr	Asn	His	Leu	Asn	Asp			
					645					650					655				
40	His	Trp	Ser	Gln	Lys	Glu	Gly	Ile	Pro	Arg	Gly	Glu	Ile	Val	Trp	Asp			
				660					665						670				
	Asn	Asp	Trp	Ile	Asn	Arg	Thr	Phe	Lys	Ala	Glu	Asn	Phe	Gln	Ile	Lys			
			675					680					685						
45	Gly	Gly	Gln	Ala	Val	Val	Ser	Arg	Asn	Val	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Asp			
	690						695						700						
	Trp	His	Leu	Ser	Asn	His	Ala	Gln	Ala	Val	Phe	Gly	Val	Ala	Pro	His			
	705					710					715				720				
50	Gln	Ser	His	Thr	Ile	Cys	Thr	Arg	Ser	Asp	Trp	Thr	Gly	Leu	Thr	Asn			
					725						730				735				
	Cys	Val	Glu	Lys	Thr	Ile	Thr	Asp	Asp	Lys	Val	Ile	Ala	Ser	Leu	Thr			
55				740						745				750					
	Lys	Thr	Asp	Ile	Ser	Gly	Asn	Val	Asp	Leu	Ala	Asp	His	Ala	His	Leu			

60

65

ES 2 281 409 T3

		755				760						765				
5	Asn	Leu	Thr	Gly	Leu	Ala	Thr	Leu	Asn	Gly	Asn	Leu	Ser	Ala	Asn	Gly
		770					775					780				
	Asp	Thr	Arg	Tyr	Thr	Val	Ser	His	Asn	Ala	Thr	Gln	Asn	Gly	Asn	Leu
	785					790					795					800
10	Ser	Leu	Val	Gly	Asn	Ala	Gln	Ala	Thr	Phe	Asn	Gln	Ala	Thr	Leu	Asn
					805					810					815	
	Gly	Asn	Thr	Ser	Ala	Ser	Gly	Asn	Ala	Ser	Phe	Asn	Leu	Ser	Asp	His
				820					825					830		
15	Ala	Val	Gln	Asn	Gly	Ser	Leu	Thr	Leu	Ser	Gly	Asn	Ala	Lys	Ala	Asn
			835					840					845			
20	Val	Ser	His	Ser	Ala	Leu	Asn	Gly	Asn	Val	Ser	Leu	Ala	Asp	Lys	Ala
		850					855					860				
	Val	Phe	His	Phe	Glu	Ser	Ser	Arg	Phe	Thr	Gly	Gln	Ile	Ser	Gly	Gly
	865					870					875					880
25	Lys	Asp	Thr	Ala	Leu	His	Leu	Lys	Asp	Ser	Glu	Trp	Thr	Leu	Pro	Ser
					885					890					895	
	Gly	Thr	Glu	Leu	Gly	Asn	Leu	Asn	Leu	Asp	Asn	Ala	Thr	Ile	Thr	Leu
				900					905					910		
30	Asn	Ser	Ala	Tyr	Arg	His	Asp	Ala	Ala	Gly	Ala	Gln	Thr	Gly	Ser	Ala
			915					920						925		
	Thr	Asp	Ala	Pro	Arg	Arg	Arg	Ser	Arg	Arg	Ser	Arg	Arg	Ser	Leu	Leu
		930					935						940			
35	Ser	Val	Thr	Pro	Pro	Thr	Ser	Val	Glu	Ser	Arg	Phe	Asn	Thr	Leu	Thr
		945				950					955					960
40	Val	Asn	Gly	Lys	Leu	Asn	Gly	Gln	Gly	Thr	Phe	Arg	Phe	Met	Ser	Glu
					965					970					975	
	Leu	Phe	Gly	Tyr	Arg	Ser	Asp	Lys	Leu	Lys	Leu	Ala	Glu	Ser	Ser	Glu
				980					985					990		
45	Gly	Thr	Tyr	Thr	Leu	Ala	Val	Asn	Asn	Thr	Gly	Asn	Glu	Pro	Ala	Ser
			995					1000						1005		
	Leu	Glu	Gln	Leu	Thr	Val	Val	Glu	Gly	Lys	Asp	Asn	Lys	Pro	Leu	Ser
		1010					1015						1020			
50	Glu	Asn	Leu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gln	Asn	Glu	His	Val	Asp	Ala	Gly	Ala
		1025				1030					1035					1040
	Trp	Arg	Tyr	Gln	Leu	Ile	Arg	Lys	Asp	Gly	Glu	Phe	Arg	Leu	His	Asn
					1045					1050					1055	
55	Pro	Val	Lys	Glu	Gln	Glu	Leu	Ser	Asp	Lys	Leu	Gly	Lys	Ala	Glu	Ala

ES 2 281 409 T3

1365 1370 1375
 Pro Ala Gln His Ile Ser Ile Thr Pro Tyr Leu Ser Leu Ser Tyr Thr
 1380 1385 1390
 5
 Asp Ala Ala Ser Gly Lys Val Arg Thr Arg Val Asn Thr Ala Val Leu
 1395 1400 1405
 10
 Ala Gln Asp Phe Gly Lys Thr Arg Ser Ala Glu Trp Gly Val Asn Ala
 1410 1415 1420
 Glu Ile Lys Gly Phe Thr Leu Ser Leu His Ala Ala Ala Lys Gly
 1425 1430 1435 1440
 15
 Pro Gln Leu Glu Ala Gln His Ser Ala Gly Ile Lys Leu Gly Tyr Arg
 1445 1450 1455
 20
 Trp
 <210> 72
 <211> 21
 25 <212> PRT
 <213> *Escherichia coli*
 <400> 72
 30 Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala
 1 5 10 15
 Thr Val Ala Gln Ala
 20
 35
 <210> 73
 <211> 1439
 <212> PRT
 40 <213> *Neisseria meningitidis*
 <400> 73
 45
 Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala
 1 5 10 15
 50 Thr Val Ala Gln Ala Ala Ser Ala Gly His Thr Tyr Phe Gly Ile Asn
 20 25 30
 Tyr Gln Tyr Tyr Arg Asp Phe Ala Glu Asn Lys Gly Lys Phe Ala Val
 35 40 45
 55 Gly Ala Lys Asp Ile Glu Val Tyr Asn Lys Lys Gly Glu Leu Val Gly
 50 55 60
 60 Lys Ser Met Thr Lys Ala Pro Met Ile Asp Phe Ser Val Val Ser Arg
 65 70 75 80
 Asn Gly Val Ala Ala Leu Val Gly Asp Gln Tyr Ile Val Ser Val Ala
 85 90 95
 65 His Asn Gly Gly Tyr Asn Asn Val Asp Phe Gly Ala Glu Gly Arg Asn

ES 2 281 409 T3

	100	105	110
5	Pro Asp Gln His Arg Phe Thr Tyr 115	Lys Ile Val 120	Lys Arg Asn Asn Tyr 125
	Lys Ala Gly Thr Lys Gly His Pro Tyr 130	Gly Gly 135	Asp Tyr His Met Pro 140
10	Arg Leu His Lys Phe Val Thr Asp Ala Glu Pro Val Glu Met Thr Ser 145	150	155 160
	Tyr Met Asp Gly Arg Lys Tyr Ile Asp Gln Asn Asn Tyr Pro Asp Arg 165	170	175
15	Val Arg Ile Gly Ala Gly Arg Gln Tyr Trp Arg Ser Asp Glu Asp Glu 180	185	190
20	Pro Asn Asn Arg Glu Ser Ser Tyr His Ile Ala Ser Ala Tyr Ser Trp 195	200	205
	Leu Val Gly Gly Asn Thr Phe Ala Gln Asn Gly Ser Gly Gly Gly Thr 210	215	220
25	Val Asn Leu Gly Ser Glu Lys Ile Lys His Ser Pro Tyr Gly Phe Leu 225	230	235 240
	Pro Thr Gly Gly Ser Phe Gly Asp Ser Gly Ser Pro Met Phe Ile Tyr 245	250	255
30	Asp Ala Gln Lys Gln Lys Trp Leu Ile Asn Gly Val Leu Gln Thr Gly 260	265	270
35	Asn Pro Tyr Ile Gly Lys Ser Asn Gly Phe Gln Leu Val Arg Lys Asp 275	280	285
	Trp Phe Tyr Asp Glu Ile Phe Ala Gly Asp Thr His Ser Val Phe Tyr 290	295	300
40	Glu Pro Arg Gln Asn Gly Lys Tyr Ser Phe Asn Asp Asp Asn Asn Gly 305	310	315 320
	Thr Gly Lys Ile Asn Ala Lys His Glu His Asn Ser Leu Pro Asn Arg 325	330	335
45	Leu Lys Thr Arg Thr Val Gln Leu Phe Asn Val Ser Leu Ser Glu Thr 340	345	350
	Ala Arg Glu Pro Val Tyr His Ala Ala Gly Gly Val Asn Ser Tyr Arg 355	360	365
50	Pro Arg Leu Asn Asn Gly Glu Asn Ile Ser Phe Ile Asp Glu Gly Lys 370	375	380
55	Gly Glu Leu Ile Leu Thr Ser Asn Ile Asn Gln Gly Ala Gly Gly Leu 385	390	395 400
	Tyr Phe Glu Gly Asp Phe Thr Val Ser Pro Glu Asn Asn Glu Thr Pro		

ES 2 281 409 T3

5 Gln Gly Ala Gly Val His Ile Ser Glu Asp Ser Thr Val Thr Trp Lys
 420 425 430

Val Asn Gly Val Ala Asn Asp Arg Leu Ser Lys Ile Gly Lys Gly Thr
 435 440 445

10 Leu His Val Gln Ala Lys Gly Glu Asn Gln Gly Ser Ile Ser Val Gly
 450 455 460

Asp Gly Thr Val Ile Leu Asp Gln Gln Ala Asp Asp Lys Gly Lys Lys
 465 470 475 480

15 Gln Ala Phe Ser Glu Ile Gly Leu Val Ser Gly Arg Gly Thr Val Gln
 485 490 495

Leu Asn Ala Asp Asn Gln Phe Asn Pro Asp Lys Leu Tyr Phe Gly Phe
 500 505 510

Arg Gly Gly Arg Leu Asp Leu Asn Gly His Ser Leu Ser Phe His Arg
 515 520 525

25 Ile Gln Asn Thr Asp Glu Gly Ala Met Ile Val Asn His Asn Gln Asp
 530 535 540

Lys Glu Ser Thr Val Thr Ile Thr Gly Asn Lys Asp Ile Ala Thr Thr
 545 550 555 560

30 Gly Asn Asn Asn Ser Leu Asp Ser Lys Lys Glu Ile Ala Tyr Asn Gly
 565 570 575

35 Trp Phe Gly Glu Lys Asp Thr Thr Lys Thr Asn Gly Arg Leu Asn Leu
 580 585 590

Val Tyr Gln Pro Ala Ala Glu Asp Arg Thr Leu Leu Leu Ser Gly Gly
 595 600 605

40 Thr Asn Leu Asn Gly Asn Ile Thr Gln Thr Asn Gly Lys Leu Phe Phe
 610 615 620

Ser Gly Arg Pro Thr Pro His Ala Tyr Asn His Leu Asn Asp His Trp
 625 630 635 640

Ser Gln Lys Glu Gly Ile Pro Arg Gly Glu Ile Val Trp Asp Asn Asp
 645 650 655

50 Trp Ile Asn Arg Thr Phe Lys Ala Glu Asp Phe Gln Ile Lys Gly Gly
 660 665 670

Gln Ala Val Val Ser Arg Asn Val Ala Lys Val Lys Gly Asp Trp His
 675 680 685

55 Leu Ser Asn His Ala Gln Ala Val Phe Gly Val Ala Pro His Gln Ser
 690 695 700

60 His Thr Ile Cys Thr Arg Ser Asp Trp Thr Gly Leu Thr Asn Cys Val

65

ES 2 281 409 T3

	705		710		715		720						
5	Glu Lys Thr Ile Thr Asp Asp Lys Val Ile Ala Ser Leu Thr Lys Thr												
	725					730		735					
	Asp Ile Ser Gly Asn Val Asp Leu Ala Asp His Ala His Leu Asn Leu												
	740				745			750					
10	Thr Gly Leu Ala Thr Leu Asn Gly Asn Leu Ser Ala Asn Gly Asp Thr												
	755				760			765					
	Arg Tyr Thr Val Ser His Asn Ala Thr Gln Asn Gly Asn Leu Ser Leu												
15	770				775			780					
	Val Gly Asn Ala Gln Ala Thr Phe Asn Gln Ala Thr Leu Asn Gly Asn												
	785	790					795		800				
20	Thr Ser Ala Ser Gly Asn Ala Ser Phe Asn Leu Ser Asp His Ala Val												
	805					810		815					
	Gln Asn Gly Ser Leu Thr Leu Ser Gly Asn Ala Lys Ala Asn Val Ser												
25	820					825		830					
	His Ser Ala Leu Asn Gly Asn Val Ser Leu Ala Asp Lys Ala Val Phe												
	835				840			845					
	His Phe Glu Ser Ser Arg Phe Thr Gly Gln Ile Ser Gly Gly Lys Asp												
30	850	855					860						
	Thr Ala Leu His Leu Lys Asp Ser Glu Trp Thr Leu Pro Ser Gly Thr												
	865	870					875			880			
35	Glu Leu Gly Asn Leu Asn Leu Asp Asn Ala Thr Ile Thr Leu Asn Ser												
	885					890		895					
	Ala Tyr Arg His Asp Ala Ala Gly Ala Glu Thr Gly Ser Ala Thr Asp												
	900				905			910					
40	Ala Pro Arg Arg Arg Ser Arg Arg Ser Arg Arg Ser Leu Leu Ser Val												
	915				920			925					
	Thr Pro Pro Thr Ser Val Glu Ser Arg Phe Asn Thr Leu Thr Val Asn												
45	930				935			940					
	Gly Lys Leu Asn Gly Gln Gly Thr Phe Arg Phe Met Ser Glu Leu Phe												
	945	950					955			960			
50	Gly Tyr Arg Ser Asp Lys Leu Lys Leu Ala Glu Ser Ser Glu Gly Thr												
	965					970			975				
	Tyr Thr Leu Ala Val Asn Asn Thr Gly Asn Glu Pro Ala Ser Leu Glu												
	980				985			990					
55	Gln Leu Thr Val Val Glu Gly Lys Asp Asn Lys Pro Leu Ser Glu Asn												
	995				1000			1005					
60	Leu Asn Phe Thr Leu Gln Asn Glu His Val Asp Ala Gly Ala Trp Arg												

ES 2 281 409 T3

	1010	1015	1020	
5	Tyr Gln Leu Ile Arg Lys Asp Gly Glu Phe Arg Leu His Asn Pro Val 1025	1030	1035	1040
	Lys Glu Gln Glu Leu Ser Asp Lys Leu Gly Lys Ala Glu Ala Lys Lys 1045		1050	1055
10	Gln Ala Glu Lys Asp Asn Ala Gln Ser Leu Asp Ala Leu Ile Ala Ala 1060	1065		1070
15	Gly Arg Asp Ala Val Glu Lys Thr Glu Ser Val Ala Glu Pro Ala Arg 1075	1080		1085
	Gln Ala Gly Gly Glu Asn Val Gly Ile Met Gln Ala Glu Glu Glu Lys 1090	1095		1100
20	Lys Arg Val Gln Ala Asp Lys Asp Thr Ala Leu Ala Lys Gln Arg Glu 1105	1110	1115	1120
	Ala Glu Thr Arg Pro Ala Thr Thr Ala Phe Pro Arg Ala Arg Arg Ala 1125		1130	1135
25	Arg Arg Asp Leu Pro Gln Leu Gln Pro Gln Pro Gln Pro Gln Pro Gln 1140	1145		1150
30	Arg Asp Leu Ile Ser Arg Tyr Ala Asn Ser Gly Leu Ser Glu Phe Ser 1155	1160		1165
	Ala Thr Leu Asn Ser Val Phe Ala Val Gln Asp Glu Leu Asp Arg Val 1170	1175		1180
35	Phe Ala Glu Asp Arg Arg Asn Ala Val Trp Thr Ser Gly Ile Arg Asp 1185	1190	1195	1200
	Thr Lys His Tyr Arg Ser Gln Asp Phe Arg Ala Tyr Arg Gln Gln Thr 1205		1210	1215
40	Asp Leu Arg Gln Ile Gly Met Gln Lys Asn Leu Gly Ser Gly Arg Val 1220	1225		1230
	Gly Ile Leu Phe Ser His Asn Arg Thr Glu Asn Thr Phe Asp Asp Gly 1235	1240		1245
45	Ile Gly Asn Ser Ala Arg Leu Ala His Gly Ala Val Phe Gly Gln Tyr 1250	1255		1260
50	Gly Ile Asp Arg Phe Tyr Ile Gly Ile Ser Ala Gly Ala Gly Phe Ser 1265	1270	1275	1280
	Ser Gly Ser Leu Ser Asp Gly Ile Gly Gly Lys Ile Arg Arg Arg Val 1285		1290	1295
55	Leu His Tyr Gly Ile Gln Ala Arg Tyr Arg Ala Gly Phe Gly Gly Phe 1300	1305		1310
60	Gly Ile Glu Pro His Ile Gly Ala Thr Arg Tyr Phe Val Gln Lys Ala			

65

ES 2 281 409 T3

1315 1320 1325
 Asp Tyr Arg Tyr Glu Asn Val Asn Ile Ala Thr Pro Gly Leu Ala Phe
 1330 1335 1340
 5
 Asn Arg Tyr Arg Ala Gly Ile Lys Ala Asp Tyr Ser Phe Lys Pro Ala
 1345 1350 1355 1360
 10
 Gln His Ile Ser Ile Thr Pro Tyr Leu Ser Leu Ser Tyr Thr Asp Ala
 1365 1370 1375
 Ala Ser Gly Lys Val Arg Thr Arg Val Asn Thr Ala Val Leu Ala Gln
 1380 1385 1390
 15
 Asp Phe Gly Lys Thr Arg Ser Ala Glu Trp Gly Val Asn Ala Glu Ile
 1395 1400 1405
 20
 Lys Gly Phe Thr Leu Ser Leu His Ala Ala Ala Lys Gly Pro Gln
 1410 1415 1420
 Leu Glu Ala Gln His Ser Ala Gly Ile Lys Leu Gly Tyr Arg Trp
 1425 1430 1435
 25
 <210> 74
 <211> 164
 30 <212> PRT
 <213> *Neisseria meningitidis*
 <400> 74
 35
 Met Lys Lys Asn Ile Leu Glu Phe Trp Val Gly Leu Phe Val Leu Ile
 1 5 10 15
 Gly Ala Ala Ala Val Ala Phe Leu Ala Phe Arg Val Ala Gly Gly Ala
 40 20 25 30
 Ala Phe Gly Gly Ser Asp Lys Thr Tyr Ala Val Tyr Ala Asp Phe Gly
 35 40 45
 45
 Asp Ile Gly Gly Leu Lys Val Asn Ala Pro Val Lys Ser Ala Gly Val
 50 55 60
 Leu Val Gly Arg Val Gly Ala Ile Gly Leu Asp Pro Lys Ser Tyr Gln
 65 70 75 80
 50
 Ala Arg Val Arg Leu Asp Leu Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Ser Ser Asp
 85 90 95
 55
 Val Ser Ala Gln Ile Leu Thr Ser Gly Leu Leu Gly Glu Gln Tyr Ile
 100 105 110
 Gly Leu Gln Gln Gly Gly Asp Thr Glu Asn Leu Ala Ala Gly Asp Thr
 115 120 125
 60
 Ile Ser Val Thr Ser Ser Ala Met Val Leu Glu Asn Leu Ile Gly Lys
 130 135 140
 Phe Met Thr Ser Phe Ala Glu Lys Asn Ala Asp Gly Gly Asn Ala Glu
 65 145 150 155 160
 Lys Ala Ala Glu

ES 2 281 409 T3

<210> 75

<211> 21

<212> PRT

5 <213> *Erwinia carotovora*

<400> 75

10 Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu Ala Ala
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Met Ala
 20

15 <210> 76

<211> 608

<212> PRT

20 <213> *Neisseria meningitidis* ORF46

<400> 76

25 Leu Gly Ile Ser Arg Lys Ile Ser Leu Ile Leu Ser Ile Leu Ala Val
 1 5 10 15
 Cys Leu Pro Met His Ala His Ala Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe
 20 25 30
 30 Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr
 35 40 45
 His Leu Phe Gly Ser Arg Gly Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile
 50 55 60
 Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln
 65 70 75 80
 40 Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp
 85 90 95
 His Gly His Glu Val His Ser Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser
 100 105 110
 45 Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg
 115 120 125
 50 Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly
 130 135 140
 55 Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Pro Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr
 145 150 155 160
 Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr
 165 170 175
 60 Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala

65

ES 2 281 409 T3

	180	185	190
5	Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr 195 200 205		
	Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe 210 215 220		
10	Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu 225 230 235 240		
	Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn 245 250 255		
15	Ile Ala Val Met His Gly Leu Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met 260 265 270		
	Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala 275 280 285		
20	Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln 290 295 300		
	Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys 305 310 315 320		
	Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala 325 330 335		
30	His Pro Ile Lys Arg Ser Gln Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly 340 345 350		
	Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr 355 360 365		
35	Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg Asn Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg 370 375 380		
	Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly 385 390 395 400		
	Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro 405 410 415		
45	Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp 420 425 430		
	Thr Lys Leu Asp Ile Gln Glu Leu Ser Gly Gly Gly Ile Pro Lys Ala 435 440 445		
50	Lys Pro Val Ser Asp Ala Lys Pro Arg Trp Gln Val Asp Arg Lys Leu 450 455 460		
	Asn Lys Leu Thr Thr Arg Glu Gln Val Glu Lys Asn Val Gln Glu Ile 465 470 475 480		
	Arg Asn Gly Asn Lys Asn Ser Asn Phe Ser Gln His Ala Gln Leu Glu		

60

65

ES 2 281 409 T3

				485					490					495		
5	Arg	Glu	Ile	Asn	Lys	Leu	Lys	Ser	Ala	Asp	Glu	Ile	Asn	Phe	Ala	Asp
				500					505					510		
	Gly	Met	Gly	Lys	Phe	Thr	Asp	Ser	Met	Asn	Asp	Lys	Ala	Phe	Ser	Arg
10			515					520					525			
	Leu	Val	Lys	Ser	Val	Lys	Glu	Asn	Gly	Phe	Thr	Asn	Pro	Val	Val	Glu
			530				535					540				
	Tyr	Val	Glu	Ile	Asn	Gly	Lys	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	Gly	Asn	Asn	Arg
15	545					550					555					560
	Val	Phe	Ala	Ala	Glu	Tyr	Leu	Gly	Arg	Ile	His	Glu	Leu	Lys	Phe	Lys
					565					570					575	
20	Lys	Val	Asp	Phe	Pro	Val	Pro	Asn	Thr	Ser	Trp	Lys	Asn	Pro	Thr	Asp
				580					585					590		
	Val	Leu	Asn	Glu	Ser	Gly	Asn	Val	Lys	Arg	Pro	Arg	Tyr	Arg	Ser	Lys
25			595					600					605			

<210> 77

30 <211> 584

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

35 <220>

<223> ORF46-2

<400> 77

40	Ser	Asp	Leu	Ala	Asn	Asp	Ser	Phe	Ile	Arg	Gln	Val	Leu	Asp	Arg	Gln
	1				5					10					15	
	His	Phe	Glu	Pro	Asp	Gly	Lys	Tyr	His	Leu	Phe	Gly	Ser	Arg	Gly	Glu
45			20					25						30		
	Leu	Ala	Glu	Arg	Ser	Gly	His	Ile	Gly	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Ser	His
			35				40						45			
50	Gln	Leu	Gly	Asn	Leu	Met	Ile	Gln	Gln	Ala	Ala	Ile	Lys	Gly	Asn	Ile
	50						55					60				
	Gly	Tyr	Ile	Val	Arg	Phe	Ser	Asp	His	Gly	His	Glu	Val	His	Ser	Pro
55	65					70					75					80
	Phe	Asp	Asn	His	Ala	Ser	His	Ser	Asp	Ser	Asp	Glu	Ala	Gly	Ser	Pro
					85					90					95	
60	Val	Asp	Gly	Phe	Ser	Leu	Tyr	Arg	Ile	His	Trp	Asp	Gly	Tyr	Glu	His
			100						105					110		
	His	Pro	Ala	Asp	Gly	Tyr	Asp	Gly	Pro	Gln	Gly	Gly	Gly	Tyr	Pro	Ala
65			115					120						125		

ES 2 281 409 T3

Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val Ala
 130 135 140
 5 Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln Arg
 145 150 155 160
 Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly Val
 165 170 175
 10 Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp Arg
 180 185 190
 Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val Lys
 195 200 205
 15 Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala Val
 210 215 220
 20 Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu Gly
 225 230 235 240
 Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala Asp
 245 250 255
 25 Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp Ala
 260 265 270
 Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn Ile
 275 280 285
 30 Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly Lys
 290 295 300
 35 Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser Gln Met
 305 310 315 320
 Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn Phe
 325 330 335
 40 Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg Asn
 340 345 350
 Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr Ser
 355 360 365
 45 Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp Gln
 370 375 380
 50 Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro Asn
 385 390 395 400
 Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Lys Leu Asp Ile Gln Glu Leu
 405 410 415
 55 Ser Gly Gly Gly Ile Pro Lys Ala Lys Pro Val Ser Asp Ala Lys Pro
 420 425 430

60

65

ES 2 281 409 T3

Arg Trp Glu Val Asp Arg Lys Leu Asn Lys Leu Thr Thr Arg Glu Gln
 435 440 445
 5 Val Glu Lys Asn Val Gln Glu Ile Arg Asn Gly Asn Lys Asn Ser Asn
 450 455 460
 10 Phe Ser Gln His Ala Gln Leu Glu Arg Glu Ile Asn Lys Leu Lys Ser
 465 470 475 480
 Ala Asp Glu Ile Asn Phe Ala Asp Gly Met Gly Lys Phe Thr Asp Ser
 485 490 495
 15 Met Asn Asp Lys Ala Phe Ser Arg Leu Val Lys Ser Val Lys Glu Asn
 500 505 510
 20 Gly Phe Thr Asn Pro Val Val Glu Tyr Val Glu Ile Asn Gly Lys Ala
 515 520 525
 Tyr Ile Val Arg Gly Asn Asn Arg Val Phe Ala Ala Glu Tyr Leu Gly
 530 535 540
 25 Arg Ile His Glu Leu Lys Phe Lys Lys Val Asp Phe Pro Val Pro Asn
 545 550 555 560
 Thr Ser Trp Lys Asn Pro Thr Asp Val Leu Asn Glu Ser Gly Asn Val
 565 570 575
 30 Lys Arg Pro Arg Tyr Arg Ser Lys
 580
 35 <210> 78
 <211> 364
 <212> PRT
 <213> *Neisseria meningitidis*
 40
 <400> 78
 45 Met Ser Met Lys His Phe Pro Ala Lys Val Leu Thr Thr Ala Ile Leu
 1 5 10 15
 Ala Thr Phe Cys Ser Gly Ala Leu Ala Ala Thr Ser Asp Asp Asp Val
 20 25 30
 50 Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile Val Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln
 35 40 45
 55 Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Gly Glu
 50 55 60
 Asp Gly Thr Ile Thr Gln Lys Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala
 65 70 75 80
 60 Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr
 85 90 95
 65 Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala
 100 105 110

ES 2 281 409 T3

Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp
115 120 125

5 Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Asp Glu Thr Thr Asn Ala
130 135 140

Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys
145 150 155 160

10 Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr
165 170 175

Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp
15 180 185 190

Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala
195 200 205

20 Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys
210 215 220

Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala
25 225 230 235 240

Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp
245 250 255

30 Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys Ala Asp Ile Ala Lys Asn Ser
260 265 270

Ala Arg Ile Asp Ser Leu Asp Lys Asn Val Ala Asn Leu Arg Lys Glu
275 280 285

35 Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu Phe Gln
290 295 300

Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val Gly Gly Tyr
40 305 310 315 320

Lys Ser Glu Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg Phe Thr Glu
325 330 335

45 Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser Ser Gly Ser
340 345 350

Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp
355 360

50

<210> 79
<211> 427
55 <212> PRT
<213> *Neisseria meningitidis*

<400> 79

60 Met Phe Glu Arg Ser Val Ile Ala Met Ala Cys Ile Phe Ala Leu Ser
1 5 10 15

65

ES 2 281 409 T3

	Ala Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp	20 25 30
5	Thr Leu Ser Lys Pro Ala Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu	35 40 45
	Val Lys Glu Asp Ala Pro Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro	50 55 60
10	Ser Thr Gln Gly Ser Gln Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr	65 70 75 80
	Gly Asn Gly Gly Ala Ala Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu	85 90 95
15	Gly Pro Gln Asn Asp Met Pro Gln Asn Ser Ala Glu Ser Ala Asn Gln	100 105 110
	Thr Gly Asn Asn Gln Pro Ala Asp Ser Ser Asp Ser Ala Pro Ala Ser	115 120 125
20	Asn Pro Ala Pro Ala Asn Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu	130 135 140
	Ala Asn Gly Val Leu Ile Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr	145 150 155 160
	His Cys Lys Gly Asp Ser Cys Asn Gly Asp Asn Leu Leu Asp Glu Glu	165 170 175
30	Ala Pro Ser Lys Ser Glu Phe Glu Asn Leu Asn Glu Ser Glu Arg Ile	180 185 190
	Glu Lys Tyr Lys Lys Asp Gly Lys Ser Asp Lys Phe Thr Asn Leu Val	195 200 205
35	Ala Thr Ala Val Gln Ala Asn Gly Thr Asn Lys Tyr Val Ile Ile Tyr	210 215 220
	Lys Asp Lys Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala	225 230 235 240
40	Arg Ser Arg Arg Ser Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn	245 250 255
	Gln Ala Asp Thr Leu Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly	260 265 270
45	His Ser Gly Asn Ile Phe Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr	275 280 285
	Tyr Gly Ala Glu Lys Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln	290 295 300
50	Gly Glu Pro Ala Lys Gly Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn	305 310 315 320
55		
60		
65		

ES 2 281 409 T3

Gly Glu Val Leu His Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr
 325 330 335
 5 Arg Gly Arg Phe Ala Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp
 340 345 350
 10 Gly Ile Ile Asp Ser Gly Asp Asp Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe
 355 360 365
 Lys Ala Ala Ile Asp Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn
 370 375 380
 15 Gly Gly Gly Asp Val Ser Gly Arg Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu
 385 390 395 400
 20 Val Ala Gly Lys Tyr Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly
 405 410 415
 Phe Gly Val Phe Ala Gly Lys Lys Glu Gln Asp
 420 425
 25 <210> 80
 <211> 410
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 30 <220>
 <223> 287 no marcado
 35 <400> 80
 Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr
 1 5 10 15
 40 Leu Ser Lys Pro Ala Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu Val
 20 25 30
 Lys Glu Asp Ala Pro Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser
 35 40 45
 45 Thr Gln Gly Ser Gln Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr Gly
 50 55 60
 Asn Gly Gly Ala Ala Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly
 65 70 75 80
 Pro Gln Asn Asp Met Pro Gln Asn Ser Ala Glu Ser Ala Asn Gln Thr
 85 90 95
 55 Gly Asn Asn Gln Pro Ala Asp Ser Ser Asp Ser Ala Pro Ala Ser Asn
 100 105 110
 60 Pro Ala Pro Ala Asn Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu Ala
 115 120 125
 Asn Gly Val Leu Ile Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His
 130 135 140
 65

ES 2 281 409 T3

Cys Lys Gly Asp Ser Cys Asn Gly Asp Asn Leu Leu Asp Glu Glu Ala
 145 150 155 160
 5 Pro Ser Lys Ser Glu Phe Glu Asn Leu Asn Glu Ser Glu Arg Ile Glu
 165 170 175
 Lys Tyr Lys Lys Asp Gly Lys Ser Asp Lys Phe Thr Asn Leu Val Ala
 10 180 185 190
 Thr Ala Val Gln Ala Asn Gly Thr Asn Lys Tyr Val Ile Ile Tyr Lys
 15 195 200 205
 Asp Lys Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg
 20 210 215 220
 Ser Arg Arg Ser Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln
 25 225 230 235 240
 Ala Asp Thr Leu Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His
 25 245 250 255
 Ser Gly Asn Ile Phe Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr
 260 265 270
 Gly Ala Glu Lys Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly
 30 275 280 285
 Glu Pro Ala Lys Gly Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn Gly
 290 295 300
 35 Glu Val Leu His Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr Arg
 305 310 315 320
 Gly Arg Phe Ala Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly
 325 330 335
 40 Ile Ile Asp Ser Gly Asp Asp Leu His Met Gly Thr Glu Lys Phe Lys
 340 345 350
 45 Ala Ala Ile Asp Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly
 355 360 365
 Gly Gly Asp Val Ser Gly Arg Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val
 370 375 380
 50 Ala Gly Lys Tyr Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe
 385 390 395 400
 55 Gly Val Phe Ala Gly Lys Lys Glu Glu Asp
 405 410

<210> 81

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> 920L N-terminal

ES 2 281 409 T3

```

<400> 81
      His Arg Val Trp Val Glu Thr Ala His
      1           5
5
<210> 82
<211> 16
<212> PRT
10 <213> Secuencia artificial

<220>
15 <223> 953L N-terminal

<400> 82
      Ala Thr Tyr Lys Val Asp Glu Tyr His Ala Asn Ala Arg Phe Ala Phe
      1           5           10           15
20

<210> 83
<211> 16
25 <212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
30 <223> 519,1L N-terminal

<400> 83
35      Met Glu Phe Phe Ile Ile Leu Leu Ala
      1           5

<210> 84
40 <211> 488
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> deltaG287

50 <400> 84
      Met Phe Lys Arg Ser Val Ile Ala Met Ala Cys Ile Phe Ala Leu Ser
      1           5           10           15
55      Ala Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp
      20           25           30
      Thr Leu Ser Lys Pro Ala Ala Pro Val Val Ser Glu Lys Glu Thr Glu
      35           40           45
60      Ala Lys Glu Asp Ala Pro Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro
      50           55           60
      Ser Ala Gln Gly Ser Gln Asp Met Ala Ala Val Ser Glu Glu Asn Thr
      65           70           75           80
65      Gly Asn Gly Gly Ala Val Thr Ala Asp Asn Pro Lys Asn Glu Asp Glu
      85           90           95

```


ES 2 281 409 T3

Val Ala Gln Asn Asp Met Pro Gln Asn Ala Ala Gly Thr Asp Ser Ser
 100 105 110
 5 Thr Pro Asn His Thr Pro Asp Pro Asn Met Leu Ala Gly Asn Met Glu
 115 120 125
 Asn Gln Ala Thr Asp Ala Gly Glu Ser Ser Gln Pro Ala Asn Gln Pro
 10 130 135 140
 Asp Met Ala Asn Ala Ala Asp Gly Met Gln Gly Asp Asp Pro Ser Ala
 145 150 155 160
 15 Gly Gly Gln Asn Ala Gly Asn Thr Ala Ala Gln Gly Ala Asn Gln Ala
 165 170 175
 Gly Asn Asn Gln Ala Ala Gly Ser Ser Asp Pro Ile Pro Ala Ser Asn
 180 185 190
 20 Pro Ala Pro Ala Asn Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu Ala
 195 200 205
 Asn Gly Val Leu Ile Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His
 210 215 220
 25 Cys Lys Gly Asp Ser Cys Ser Gly Asn Asn Phe Leu Asp Glu Glu Val
 225 230 235 240
 Gln Leu Lys Ser Glu Phe Glu Lys Leu Ser Asp Ala Asp Lys Ile Ser
 245 250 255
 30 Asn Tyr Lys Lys Asp Gly Lys Asn Asp Lys Phe Val Gly Leu Val Ala
 260 265 270
 35 Asp Ser Val Gln Met Lys Gly Ile Asn Gln Tyr Ile Ile Phe Tyr Lys
 275 280 285
 Pro Lys Pro Thr Ser Phe Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg
 290 295 300
 40 Arg Ser Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln Ala Asp
 305 310 315 320
 Thr Leu Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His Ser Gly
 325 330 335
 45 Asn Ile Phe Ala Pro Gln Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr Gly Ala
 340 345 350
 50 Glu Lys Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly Glu Pro
 355 360 365
 Ala Lys Gly Glu Met Leu Ala Gly Ala Ala Val Tyr Asn Gly Glu Val
 370 375 380
 55 Leu His Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr Arg Gly Arg
 385 390 395 400

60

65

ES 2 281 409 T3

phe Ala Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly ile ile
 405 410 415
 5 Asp Ser Gly Asp Asp Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe Lys Ala Ala
 420 425 430
 10 ile Asp Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly Ser Gly
 435 440 445
 Asp Val Ser Gly Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val Ala Gly
 450 455 460
 15 Lys Tyr Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe Gly Val
 465 470 475 480
 Phe Ala Gly Lys Lys Glu Gln Asp
 485
 20
 <210> 85
 <211> 712
 <212> PRT
 25 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> TBP2
 30
 <400> 85
 35 Met Asn Asn Pro Leu Val Asn Gln Ala Ala Met Val Leu Pro Val Phe
 1 5 10 15
 Leu Leu Ser Ala Cys Leu Gly Gly Gly Gly Ser Phe Asp Leu Asp Ser
 20 25 30
 40 Val Asp Thr Glu Ala Pro Arg Pro Ala Pro Lys Tyr Gln Asp Val Phe
 35 40 45
 Ser Glu Lys Pro Gln Ala Gln Lys Asp Gln Gly Gly Tyr Gly Phe Ala
 50 55 60
 Met Arg Leu Lys Arg Arg Asn Trp Tyr Pro Gln Ala Lys Glu Asp Glu
 65 70 75 80
 50 Val Lys Leu Asp Glu Ser Asp Trp Glu Ala Thr Gly Leu Pro Asp Glu
 85 90 95
 Pro Lys Glu Leu Pro Lys Arg Gln Lys Ser Val Ile Glu Lys Val Glu
 100 105 110
 55 Thr Asp Ser Asp Asn Asn Ile Tyr Ser Ser Pro Tyr Leu Lys Pro Ser
 115 120 125
 60 Asn His Gln Asn Gly Asn Thr Gly Asn Gly Ile Asn Gln Pro Lys Asn
 130 135 140
 Gln Ala Lys Asp Tyr Glu Asn Phe Lys Tyr Val Tyr Ser Gly Trp Phe
 145 150 155 160

ES 2 281 409 T3

Tyr Lys His Ala Lys Arg Glu Phe Asn Leu Lys Val Glu Pro Lys Ser
 165 170 175
 5 Ala Lys Asn Gly Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Tyr His Gly Lys Glu Pro
 180 185 190
 Ser Arg Gln Leu Pro Ala Ser Gly Lys Ile Thr Tyr Lys Gly Val Trp
 195 200 205
 10 His Phe Ala Thr Asp Thr Lys Lys Gly Gln Lys Phe Arg Glu Ile Ile
 210 215 220
 Gln Pro Ser Lys Ser Gln Gly Asp Arg Tyr Ser Gly Phe Ser Gly Asp
 225 230 235 240
 Asp Gly Glu Glu Tyr Ser Asn Lys Asn Lys Ser Thr Leu Thr Asp Gly
 245 250 255
 20 Gln Glu Gly Tyr Gly Phe Thr Ser Asn Leu Glu Val Asp Phe His Asn
 260 265 270
 Lys Lys Leu Thr Gly Lys Leu Ile Arg Asn Asn Ala Asn Thr Asp Asn
 275 280 285
 25 Asn Gln Ala Thr Thr Thr Gln Tyr Tyr Ser Leu Glu Ala Gln Val Thr
 290 295 300
 Gly Asn Arg Phe Asn Gly Lys Ala Thr Ala Thr Asp Lys Pro Gln Gln
 305 310 315 320
 Asn Ser Glu Thr Lys Glu His Pro Phe Val Ser Asp Ser Ser Ser Leu
 325 330 335
 35 Ser Gly Gly Phe Phe Gly Pro Gln Gly Glu Glu Leu Gly Phe Arg Phe
 340 345 350
 Leu Ser Asp Asp Gln Lys Val Ala Val Val Gly Ser Ala Lys Thr Lys
 355 360 365
 Asp Lys Pro Ala Asn Gly Asn Thr Ala Ala Ala Ser Gly Gly Thr Asp
 370 375 380
 45 Ala Ala Ala Ser Asn Gly Ala Ala Gly Thr Ser Ser Glu Asn Gly Lys
 385 390 395 400
 Leu Thr Thr Val Leu Asp Ala Val Glu Leu Lys Leu Gly Asp Lys Glu
 405 410 415
 50 Val Gln Lys Leu Asp Asn Phe Ser Asn Ala Ala Gln Leu Val Val Asp
 420 425 430
 Gly Ile Met Ile Pro Leu Leu Pro Glu Ala Ser Glu Ser Gly Asn Asn
 435 440 445
 Gln Ala Asn Glu Gly Thr Asn Gly Gly Thr Ala Phe Thr Arg Lys Phe
 450 455 460
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Asp His Thr Pro Glu Ser Asp Lys Lys Asp Ala Gln Ala Gly Thr Gln
 465 470 475 480
 5 Thr Asn Gly Ala Gln Thr Ala Ser Asn Thr Ala Gly Asp Thr Asn Gly
 485 490 495
 10 Lys Thr Lys Thr Tyr Glu Val Glu Val Cys Cys Ser Asn Leu Asn Tyr
 500 505 510
 Leu Lys Tyr Gly Met Leu Thr Arg Lys Asn Ser Lys Sor Ala Met Gln
 515 520 525
 15 Ala Gly Glu Ser Ser Ser Gln Ala Asp Ala Lys Thr Glu Gln Val Glu
 530 535 540
 20 Gln Ser Met Phe Leu Gln Gly Glu Arg Thr Asp Glu Lys Glu Ile Pro
 545 550 555 560
 Ser Glu Gln Asn Ile Val Tyr Arg Gly Ser Trp Tyr Gly Tyr Ile Ala
 565 570 575
 25 Asn Asp Lys Ser Thr Ser Trp Ser Gly Asn Ala Ser Asn Ala Thr Ser
 580 585 590
 Gly Asn Arg Ala Glu Phe Thr Val Asn Phe Ala Asp Lys Lys Ile Thr
 595 600 605
 30 Gly Thr Leu Thr Ala Asp Asn Arg Gln Glu Ala Thr Phe Thr Ile Asp
 610 615 620
 35 Gly Asn Ile Lys Asp Asn Gly Phe Glu Gly Thr Ala Lys Thr Ala Glu
 625 630 635 640
 Ser Gly Phe Asp Leu Asp Gln Ser Asn Thr Thr Arg Thr Pro Lys Ala
 645 650 655
 40 Tyr Ile Thr Asp Ala Lys Val Gln Gly Gly Phe Tyr Gly Pro Lys Ala
 660 665 670
 45 Glu Glu Leu Gly Gly Trp Phe Ala Tyr Pro Gly Asp Lys Gln Thr Lys
 675 680 685
 Asn Ala Thr Asn Ala Ser Gly Asn Ser Ser Ala Thr Val Val Phe Gly
 690 695 700
 50 Ala Lys Arg Gln Gln Pro Val Arg
 705 710

55 <210> 86

<211> 274

<212> PRT

60 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> 741

65

ES 2 281 409 T3

<400> 86

5 Val Asn Arg Thr Ala Phe Cys Cys Leu Ser Leu Thr Thr Ala Leu Ile
1 5 10 15

Leu Thr Ala Cys Ser Ser Gly Gly Gly Gly Val Ala Ala Asp Ile Gly
20 25 30

10 Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala Pro Leu Asp His Lys Asp Lys
35 40 45

15 Gly Leu Gln Ser Leu Thr Leu Asp Gln Ser Val Arg Lys Asn Glu Lys
50 55 60

Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu Lys Thr Tyr Gly Asn Gly Asp
65 70 75 80

20 Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn Asp Lys Val Ser Arg Phe Asp
85 90 95

25 Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly Gln Leu Ile Thr Leu Glu Ser
100 105 110

Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser His Ser Ala Leu Thr Ala Phe
115 120 125

30 Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu His Ser Gly Lys Met Val Ala
130 135 140

35 Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile Ala Gly Glu His Thr Ser Phe
145 150 155 160

Asp Lys Leu Pro Glu Gly Gly Arg Ala Thr Tyr Arg Gly Thr Ala Phe
165 170 175

40 Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu Thr Tyr Thr Ile Asp Phe Ala
180 185 190

45 Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Gln His Leu Lys Ser Pro Glu Leu
195 200 205

Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile Lys Pro Asp Gly Lys Arg His
210 215 220

50 Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr Asn Gln Ala Glu Lys Gly Ser
225 230 235 240

Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser
245 250 255

55 Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile Arg His Ile Gly Leu Ala Ala
260 265 270

60 Lys Gln

<210> 87

65 <211> 1082

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> 983

5 <400> 87

Met Arg Thr Thr Pro Thr Phe Pro Thr Lys Thr Phe Lys Pro Thr Ala
 1 5 10 15

Met Ala Leu Ala Val Ala Thr Thr Leu Ser Ala Cys Leu Gly Gly Gly
 20 25 30

Gly Gly Gly Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly Ile
 35 40 45

Gly Ser Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser Tyr
 50 55 60

Ala Gly Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys Ala
 65 70 75 80

Gly Arg Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn Ala
 85 90 95

Pro Pro Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp Ala
 100 105 110

Tyr Lys Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr Thr
 115 120 125

Gly Arg Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val Gly
 130 135 140

Ser Ile Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr Asn
 145 150 155 160

Glu Asn Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro Glu
 165 170 175

Asp Gly Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala Val
 180 185 190

Ile Glu Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu Ile
 195 200 205

Gly His Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp
 210 215 220

Gly Arg Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met
 225 230 235 240

Asn Thr Asp Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg
 245 250 255

Asn Ala Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn
 260 265 270

60

65

ES 2 281 409 T3

Ser Phe Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln Ile
 275 280 285
 5 Ala Asn Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly
 290 295 300
 Gly Asp Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr
 305 310 315 320
 10 Gly Asn Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe
 325 330 335
 Ser Thr Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu
 340 345 350
 15 Pro Phe Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly
 355 360 365
 20 Val Asp Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro
 370 375 380
 Gly Thr Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala
 385 390 395 400
 25 Met Trp Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg
 405 410 415
 30 Thr Asn Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val
 420 425 430
 Thr Gly Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn
 435 440 445
 35 Asp Asn Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala
 450 455 460
 Val Gly Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys
 465 470 475 480
 Ala Met Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp
 485 490 495
 45 Thr Lys Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser
 500 505 510
 Gly Thr Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu His
 515 520 525
 50 Gly Asn Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Gln Gly Gly Ser Leu
 530 535 540
 Val Leu Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Gln Thr Lys Gly
 545 550 555 560
 55 Ala Leu Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser Asp
 565 570 575

60

65

ES 2 281 409 T3

Gly Ile Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu Thr
 580 585 590
 5 Val His Ile Lys Gly Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu Tyr
 595 600 605
 10 Thr Arg Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile Gly
 610 615 620
 Gly Lys Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu Asn
 625 630 635 640
 15 Ser Thr Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly Gln
 645 650 655
 Asp Tyr Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu Ala
 660 665 670
 20 Ser Leu Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr Leu
 675 680 685
 Ser Tyr Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala Ala
 690 695 700
 25 Ala His Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln Gly Gly
 705 710 715 720
 30 Ser Asn Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser Ser
 725 730 735
 Ala Thr Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp Met
 740 745 750
 35 Pro Gly Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala Val
 755 760 765
 40 Gln His Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu Ala
 770 775 780
 Ala Thr Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Glu Gly
 785 790 795 800
 45 Arg Arg Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr Gly
 805 810 815
 Leu Arg Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Glu Gln
 820 825 830
 50 Gly Gly Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly Ile
 835 840 845
 55 Ala Ala Lys Thr Gly Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met
 850 855 860
 Gly Arg Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser
 865 870 875 880

60

65

ES 2 281 409 T3

Ile Ser Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr
 885 890 895

5 Leu Lys Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg
 900 905 910

10 Ser Thr Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu
 915 920 925

Met Gln Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr
 930 935 940

15 Gly Asp Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln
 945 950 955 960

20 Asp Ala Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser
 965 970 975

Leu Thr Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln
 980 985 990

25 Pro Leu Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu Arg
 995 1000 1005

30 Asp Leu Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala
 1010 1015 1020

Thr Ala Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg
 1025 1030 1035 1040

35 Leu Val Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp Asn
 1045 1050 1055

40 Gly Leu Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His
 1060 1065 1070

Ser Gly Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe
 1075 1080

45 <210> 88
 <211> 2505
 <212> ADN
 50 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> delta G287-919
 55 <400> 88

atggctagcc cccgatgttaa atcggcggac acgctgtcaa aaccggccgc tcctgttgtt 60
 gctgaaaaag agacagaggt aaaagaagat gcgccacagg caggttctca aggacagggc 120
 60 gcgccatcca cacaaggcag ccaagatag gcggcagttt cggcagaaaa tacaggcaat 180
 ggcggtgcgg caacaacgga caaacccaaa aatgaagacg agggaccgca aatgatatg 240
 ccgcaaaatt ccgcgaatc cgcaaatcaa acagggaaaca accaaccgcg cgattcttca 300
 gattccgccc ccgcgtcaaa cctgtcaect gcgaatggcg gtagcaattt tggaagggtt 360
 gatttgcta atggcgttt gattgatggg ccgtcgcaaa atataacgtt gaccactgt 420
 65 aaagcgatt cttgtaatgg tgataattta ttgatgaag aagcaccgtc aaaatcagaa 480

ES 2 281 409 T3

5 tttgaaaatt taaatgagtc tgaacgaatt gagaaatata agaaagatgg gaaaagcgat 540
 aaatttacta atttgggtgc gacagcagtt caagctaattg gaactaacia atatgtcatc 600
 atttataaag acaagtccgc ttcattctca tctgcgcgat tcaggcggtc tgcacggctcg 660
 aggagggtcgc ttccctgccga gatgccgcta atccccgtca atcaggcggg tacgctgatt 720
 gtcgatgggg aagcgggtcag cctgacgggg caltccggca atattctcgc gcccgaaaggg 780
 aattaccggg atctgactta cggggcggaa aaattgcccg ggggatcgtg tgcctccgt 840
 gtgcaagcgc aaccggcaaa aggcgaaatg cttgctggca cggccgtgta caaeggcgaa 900
 gtgctgcatt ttcataccga aaacggccgt ccgtaccgga ctagaggcag gtttgccgca 960
 10 aaagtgcatt tcggcagcaa atctgtggac ggcattatcg acagcggcga tgatttgcac 1020
 atgggtacgc aaaaattcaa agccgccatc gatggaaacg gctttaaggg gacttgagac 1080
 gaaaaatggc gcggggatgt ttccggaagg ttttaecggc cggccggcga ggaagtggcg 1140
 ygaaaatucc gctatccccc gacagatcgc gaaaagggcg gatccggcgt gtttgccggc 1200
 aaaaaagagc aggatggatc cggaggagga ggotgccaaa gcaagagcat ccaaacttt 1260
 ccgcaaccgg acacatccgt catcaaccgg ccggaccggc cggtcggcat ccccgacccc 1320
 15 ccggaacgga cggtcggcg cggcggggcc gtctaaccg ttgtaccgca cctgtccctg 1380
 ccccactggg cggcgcagga ttccqcaaa agcctgcaat ccttcgctt cggctgcgc 1440
 aatttgaana accgccaagg ctggcaggat gtgtgcgcc aagcctttca aaccccgctc 1500
 cattccttcc aggcanaaca gttttttgaa cgtatattca cgcctggca ggttgacggc 1560
 aacggaagcc ttgcgggtac ggttaccggc tattaagagc cgtgtctgaa gggcgacgac 1620
 20 agcgggacgg cagaagcccg ctcccgatt tacggtatc ccgacgatt tatchcctc 1680
 cccctgctg cgcctttgcg gacgggaaaa ccccttctcc gcatcaggca gacgggaaaa 1740
 aacagcggca caatcgacaa tacgggggr acacatacgg ccgacctctc ccgattcccc 1800
 atcaccgggc gcaenaacggc aatcaaaagg aggtttgaa gaagccgctt cctccctac 1860
 cacacggcga accaaatcaa cggcggcgcg ctltgcygca aagccccgat actcggttac 1920
 25 gccgaagacc ccgtcgaaat tttttttatg cacatccaag gctcggggcg tctganaare 1980
 ccgtccggca aatacatccg catcggclat gccgcaaaa ccgaacatcc ctacgtttcc 2040
 atcggacgt atatggcgga caaagctac ctcaactcg qgcagacctc gatgcaggcc 2100
 atcaaaagcc atatgcggca aaatccgcaa cgcctcgcg aagttttggg tcaaaaaccc 2160
 agctaaatct ttttcgggga gcttgccggg agcagcaatg accgtcccg cggcgcactg 2220
 30 ggaecgcct tgatggggga atatgccggc gcagtcgacc ggcactacat taccttgggc 2280
 ccgcccttat ttgtcgccac cgcctatccg gtlaccggca aagcctcaa ccgctgatt 2340
 atggcgcagc ataccggcag cgcgattaaa ggcgcggctc ccttgatta tttttggga 2400
 taccggagc aajccggga acttgcggc aaacgnaaaa ccacgggtta cgtctggag 2460
 ctctaccaca ccggtatgaa gcccgatcac cgccttacc tccag 2505

- 35 <210> 89
- <211> 832
- <212> PRT
- 40 <213> Secuencia artificial
- <220>
- <223> deltaG287-919
- 45 <400> 89

50 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
 1 5 10 15
 Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu Val Lys Glu Asp Ala Pro
 20 25 30
 55 Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Thr Gln Gly Ser Gln
 35 40 45
 Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
 50 55 60
 60 Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Pro Gln Asn Asp Met

ES 2 281 409 T3

	370					375									380				
5	Tyr	Arg	Pro	Thr	Asp	Ala	Glu	Lys	Gly	Gly	Phe	Gly	Val	Phe	Ala	Gly			
	385					390					395					400			
	Lys	Lys	Glu	Gln	Asp	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Cys	Gln	Ser	Lys	Ser			
					405					410					415				
10	Ile	Gln	Thr	Phe	Pro	Gln	Pro	Asp	Thr	Ser	Val	Ile	Asn	Gly	Pro	Asp			
				420					425					430					
	Arg	Pro	Val	Gly	Ile	Pro	Asp	Pro	Ala	Gly	Thr	Thr	Val	Gly	Gly	Gly			
15			435					440					445						
	Gly	Ala	Val	Tyr	Thr	Val	Val	Pro	His	Leu	Ser	Leu	Pro	His	Trp	Ala			
	450					455						460							
20	Ala	Gln	Asp	Phe	Ala	Lys	Ser	Leu	Gln	Ser	Phe	Arg	Leu	Gly	Cys	Ala			
	465					470				475						480			
	Asn	Leu	Lys	Asn	Arg	Gln	Gly	Trp	Gln	Asp	Val	Cys	Ala	Gln	Ala	Phe			
25				485					490					495					
	Gln	Thr	Pro	Val	His	Ser	Phe	Gln	Ala	Lys	Gln	Phe	Phe	Glu	Arg	Tyr			
			500					505						510					
	Phe	Thr	Pro	Trp	Gln	Val	Ala	Gly	Asn	Gly	Ser	Leu	Ala	Gly	Thr	Val			
30			515					520					525						
	Thr	Gly	Tyr	Tyr	Glu	Pro	Val	Leu	Lys	Gly	Asp	Asp	Arg	Arg	Thr	Ala			
	530					535					540								
35	Gln	Ala	Arg	Phe	Pro	Ile	Tyr	Gly	Ile	Pro	Asp	Asp	Phe	Ile	Ser	Val			
	545					550					555					560			
	Pro	Leu	Pro	Ala	Gly	Leu	Arg	Ser	Gly	Lys	Ala	Leu	Val	Arg	Ile	Arg			
40				565					570						575				
	Gln	Thr	Gly	Lys	Asn	Ser	Gly	Thr	Ile	Asp	Asn	Thr	Gly	Gly	Thr	His			
			580					585						590					
45	Thr	Ala	Asp	Leu	Ser	Arg	Phe	Pro	Ile	Thr	Ala	Arg	Thr	Thr	Ala	Ile			
			595					600						605					
	Lys	Gly	Arg	Phe	Glu	Gly	Ser	Arg	Phe	Leu	Pro	Tyr	His	Thr	Arg	Asn			
	610						615					620							
50	Gln	Ile	Asn	Gly	Gly	Ala	Leu	Asp	Gly	Lys	Ala	Pro	Ile	Leu	Gly	Tyr			
	625					630					635					640			
	Ala	Glu	Asp	Pro	Val	Glu	Leu	Phe	Phe	Met	His	Ile	Gln	Gly	Ser	Gly			
55				645						650					655				
	Arg	Leu	Lys	Thr	Pro	Ser	Gly	Lys	Tyr	Ile	Arg	Ile	Gly	Tyr	Ala	Asp			
				660					665					670					
60	Lys	Asn	Glu	His	Pro	Tyr	Val	Ser	Ile	Gly	Arg	Tyr	Met	Ala	Asp	Lys			

ES 2 281 409 T3

		675				680						685					
5	Gly	Tyr	Leu	Lys	Leu	Gly	Gln	Thr	Ser	Met	Gln	Gly	Ile	Lys	Ala	Tyr	
		690					695					700					
	Met	Arg	Gln	Asn	Pro	Gln	Arg	Leu	Ala	Glu	Val	Leu	Gly	Gln	Asn	Pro	
	705					710					715					720	
10	Ser	Tyr	Ile	Phe	Phe	Arg	Glu	Leu	Ala	Gly	Ser	Ser	Asn	Asp	Gly	Pro	
					725					730					735		
	Val	Gly	Ala	Leu	Gly	Thr	Pro	Leu	Met	Gly	Glu	Tyr	Ala	Gly	Ala	Val	
15				740					745					750			
	Asp	Arg	His	Tyr	Ile	Thr	Leu	Gly	Ala	Pro	Leu	Phe	Val	Ala	Thr	Ala	
			755					760					765				
20	His	Pro	Val	Thr	Arg	Lys	Ala	Leu	Asn	Arg	Leu	Ile	Met	Ala	Gln	Asp	
		770					775					780					
	Thr	Gly	Ser	Ala	Ile	Lys	Gly	Ala	Val	Arg	Val	Asp	Tyr	Phe	Trp	Gly	
25		785				790					795					800	
	Tyr	Gly	Asp	Glu	Ala	Gly	Glu	Leu	Ala	Gly	Lys	Gln	Lys	Thr	Thr	Gly	
					805					810					815		
30	Tyr	Val	Trp	Gln	Leu	Leu	Pro	Asn	Gly	Met	Lys	Pro	Glu	Tyr	Arg	Pro	
				820					825					830			

<210> 90

35 <211> 1746

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

40 <220>

<223> delta G287-953

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 90

	atggctagcc	ccgatgttaa	atcggcggac	acgcctgtcaa	aaccggccgc	tcctgttgtt	60
5	gctgaaaaag	agacagaggt	aaaagaagat	gcgccacagg	caggttctca	aggacagggc	120
	gcgccatcca	cacaaggcag	ccaagatag	gcggcagttt	cggcagaaaa	tacaggcaat	180
	ggcggtgccg	caacaacgga	caaaccctaaa	aatgaagacg	agggaccgca	aatgatag	240
	ccgcaaaatt	ccgcgcaatc	cgcaaatcaa	acaggggaaca	accaaccgcg	cgattcttca	300
	gattccgccc	ccgcgtcaaa	ccctgcacct	gcgaatggcg	gtagcaattt	tggagggtt	360
10	gatttggcta	atggcgtttt	gattgatggg	ccgtcgc aaa	atataacggt	gaccactgt	420
	aaaggcgalt	cttgtaatgg	tgataattta	ttggatgaag	aagcaccgtc	aaaatcagaa	480
	tttgaaaatt	taaatgagtc	tgaacgaatt	gagaaatata	agaaagatgg	gaaaagcgat	540
	aaatttacta	atttggttgc	gacagcagtt	caagctaatt	gaactaacia	atatgtcatc	600
	atttataaag	acaagtccgc	ttcatcttca	tctgcgcgat	tcaggcgttc	tgacggtcg	660
15	aggaggtcgc	ttcctgccga	gatgccgcta	atccccgtca	atcaggcgga	tacgctgatt	720
	gtcgatgggg	aagcggtcag	ctgacgggg	cattccggca	atatcttccg	gcccgagggg	780
	aattaccggt	atctgactta	cggggcggaa	aaattgcccg	gcggatcgta	tgcctccgt	840
	gtgcaaggcg	aaccggcaaa	aggcgaaatg	cttgc tggca	cggccgtgta	caacggcgaa	900
	gtgctgcatt	ttcatagcga	aaacggccgt	ccgtaccgga	ctagagggag	gtttgccgca	960
20	aaagtcgatt	tcggcagcaa	atctgtggac	ggcat tatcg	acagggcgga	tgatttgcac	1020
	atgggtacgc	aaaaattcaa	agccgccatc	gatggaaacg	gctttaaggg	gacttggacg	1080
25							
	gaaaaatggcg	gcggggatgt	ttccgggaagg	ttttacggcc	cgcccgccga	ggaagtggcg	1140
	ggaaaataca	gctatcgecc	gacagatgcg	gaaaagggcg	gattcggcgt	gtttgcggc	1200
	aaaaaagagc	aggatggatc	cggaggagga	ggagccacct	acaaagtggg	cgaatatac	1260
30	gccaacgccc	gtttcgccat	cgaccatttc	aacaccagca	ccaacgtcgg	cggtttttac	1320
	ggtctgaccg	gttccgtcga	gttcgacc aa	gcaaaaacgcg	acggtaaaat	cgacatcacc	1380
	atccccgttg	ccaacctgca	aagcggttcg	caacacttta	ccgaccacct	gaaatcagcc	1440
	gacatcttcg	atgcgcgccca	atatacggac	atccgctttg	tttccaccaa	attcaacttc	1500
	aacggcaaaa	aactggtttc	cgttgacggc	aacctgacca	tgcacggcaa	aaccgcccc	1560
35	glcaaaactca	angccgaaaa	attcaactgc	taccaaagcc	cgatggcgaa	aaccgaagtt	1620
	tgcggcggcg	acttcagcac	caccatcgac	cgcaccaa at	ggggcgtgga	ctacctcgtt	1680
	aacgttggta	tgaccaaaaa	cgcccgcatc	gacatccaaa	tggaggcagc	caaaacaata	1740
	ctcgag						1746

<210> 91

<211> 579

45 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

50 <223> deltaG287-953

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 91

5 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
 1 5 10 15

Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu Val Lys Glu Asp Ala Pro
 20 25 30

10 Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Thr Gln Gly Ser Gln
 35 40 45

Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
 50 55 60

15 Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Pro Gln Asn Asp Met
 65 70 75 80

20 Pro Gln Asn Ser Ala Glu Ser Ala Asn Gln Thr Gly Asn Asn Gln Pro
 85 90 95

Ala Asp Ser Ser Asp Ser Ala Pro Ala Ser Asn Pro Ala Pro Ala Asn
 100 105 110

25 Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu Ala Asn Gly Val Leu Ile
 115 120 125

30 Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His Cys Lys Gly Asp Ser
 130 135 140

Cys Asn Gly Asp Asn Leu Leu Asp Glu Glu Ala Pro Ser Lys Ser Glu
 145 150 155 160

35 Phe Glu Asn Leu Asn Glu Ser Glu Arg Ile Glu Lys Tyr Lys Lys Asp
 165 170 175

40 Gly Lys Ser Asp Lys Phe Thr Asn Leu Val Ala Thr Ala Val Gln Ala
 180 185 190

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

Asn Gly Thr Asn Lys Tyr Val Ile Ile Tyr Lys Asp Lys Ser Ala Ser
 195 200 205
 5 Ser Ser Ser Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg Arg Ser Leu
 210 215 220
 Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln Ala Asp Thr Leu Ile
 225 230 235 240
 10 Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His Ser Gly Asn Ile Phe
 245 250 255
 Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr Gly Ala Glu Lys Leu
 260 265 270
 15 Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly Glu Pro Ala Lys Gly
 275 280 285
 20 Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn Gly Glu Val Leu His Phe
 290 295 300
 His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr Arg Gly Arg Phe Ala Ala
 305 310 315 320
 25 Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly Ile Ile Asp Ser Gly
 325 330 335
 Asp Asp Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe Lys Ala Ala Ile Asp Gly
 340 345 350
 30 Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly Gly Gly Asp Val Ser
 355 360 365
 35 Gly Arg Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val Ala Gly Lys Tyr Ser
 370 375 380
 Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe Gly Val Phe Ala Gly
 385 390 395 400
 40 Lys Lys Glu Gln Asp Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ala Thr Tyr Lys Val
 405 410 415
 Asp Glu Tyr His Ala Asn Ala Arg Phe Ala Ile Asp His Phe Asn Thr
 420 425 430
 45 Ser Thr Asn Val Gly Gly Phe Tyr Gly Leu Thr Gly Ser Val Glu Phe
 435 440 445
 50 Asp Gln Ala Lys Arg Asp Gly Lys Ile Asp Ile Thr Ile Pro Val Ala
 450 455 460
 Asn Leu Gln Ser Gly Ser Gln His Phe Thr Asp His Leu Lys Ser Ala
 465 470 475 480
 55 Asp Ile Phe Asp Ala Ala Gln Tyr Pro Asp Ile Arg Phe Val Ser Thr
 485 490 495
 60
 65

ES 2 281 409 T3

	Lys	Phe	Asn	Phe	Asn	Gly	Lys	Lys	Leu	Val	Ser	Val	Asp	Gly	Asn	Leu
			500						505					510		
5	Thr	Met	His	Gly	Lys	Thr	Ala	Pro	Val	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Lys	Phe
			515					520					525			
	Asn	Cys	Tyr	Gln	Ser	Pro	Met	Ala	Lys	Thr	Glu	Val	Cys	Gly	Gly	Asp
10		530					535					540				
	Phe	Ser	Thr	Thr	Ile	Asp	Arg	Thr	Lys	Trp	Gly	Val	Asp	Tyr	Leu	Val
	545					550					555					560
15	Asn	Val	Gly	Met	Thr	Lys	Ser	Val	Arg	Ile	Asp	Ile	Gln	Ile	Glu	Ala
					565					570					575	
	Ala	Lys	Gln													

20 <210> 92
 <211> 2388
 <212> ADN
 25 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> deltaG287-961
 30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 92

	atggctagcc	ccgatgttaa	atcggcggac	acgctgtcaa	aaccygecgc	tcctgttgtt	60
5	gctgaaaaag	agacagaggt	aaaagaagat	gcgccacagg	caggttctca	aggacagggc	120
	gcgccatcca	cacaaggcag	ccaagatatg	gcggcagttt	cggcagaaaa	tacaggcaat	180
	ggcgggtgcy	caacaacgga	caaaccctaa	aatgaagacg	agggaccgca	aatgatatg	240
	ccgcaaaatt	ccgccgaatc	cgcaaatcaa	acagggbaaca	acceaccgcg	cgattcttca	300
	gattccgccc	ccggctcaaa	ccctgcacct	gcgaatggcg	gtagcaattt	tggagggtt	360
10	gatttggcta	atggcgtttt	gattgatggg	ccgtcgcaaa	atataacggt	gaccactgt	420
	aaaggcgatt	cttgtaatgg	tgataattta	ttggatgaag	aagcaccgtc	aaaatcagaa	480
	tttgaaaabt	taaatgagtc	tgaacgaatt	gagaaatata	agaaagatgg	gaaaagcgat	540
	aaatttacta	atttggttgc	gacagcagtt	caagctaattg	gaactaacia	atatgtcatc	600
	atltataaag	acaagtccgc	ttcatcttca	tctgcgcgat	tcaggcgttc	tgacaggtcg	660
	aggaggtcgc	ttcctgccga	gatgccgcta	atccccgtca	atcaggcggga	tacgtctgatt	720
15	gtcgtagggg	aagcggtcag	ccctgacggg	catlccggca	atatcttcgc	gcccgaaggg	780
	aatlaccggl	cttgactta	cggggcggaa	aaattgcccg	gcggatcgta	tgccctccgt	840
	gtgcaaggcg	aaccggcaaa	aggcgaatg	cttyctggca	cggccgtgta	caacggcgaa	900
	gtgctgcatt	ttcataccga	aaacggccgt	ccgtacccca	ctagaggcag	gtttgccgca	960
20	aaagtogatt	tggcgagcaa	atctgtggac	ggcattatcg	acagcggcga	tgatttgcac	1020
	atgggtacgc	aaaaattcaa	agccgccatc	gatggaaaacg	gctttaaggg	gacttggacg	1080
	gaaaatggcg	gcygggatgt	ttccggaaag	ttttaccggc	cggccggcga	ggaagtggcg	1140
	ggaaaataca	gctatcgccc	gacagatggg	gaaaaggcgg	gattcggcgt	gtttgccggc	1200
	aaaaaagagc	aggatggatc	cggaggagga	ggagccacia	acgacgacga	tgttaaaaa	1260
25	gctgccactg	tggccattgc	tgctgectac	aacaatggcc	aagaaatcaa	cggtttcaaa	1320
	gctggagaga	ccatctacga	cattgatgaa	gacggcacia	ttaccaaaaa	agacgcaact	1380
	gcagccgatg	ttgaagccga	cgactttaa	ggtctggglt	tgaaaaaagt	cgtgactaac	1440
	ctgaccaaaa	ccgtcaatga	aaacaacaaa	aacgttcgatg	ccaaagttaa	agctgcagaa	1500
	tctgaaatag	aaaagttaac	aacnaagtta	gcagacactg	atgccgcttt	agcagatact	1560
30	gatgccgctc	tggatgcaac	caccaacgcc	ttgaataaat	tgggagaaaa	tataucgaca	1620
	tttgcctgag	agactaagac	aaatctcyla	aaaattgatg	aaaaattaga	agccgtggct	1680
	gataccgtcg	acaagcatgc	cgaagcattc	aacgtatatcg	ccgattcatt	ggatgaaacc	1740
35	aaactaagg	cagacgaagc	cgtaaaaacc	gccaatgaag	ccaacagac	ggccgaagaa	1800
	accaaaacaa	acgtcgatyc	caaaglaaaa	gctgcagaaa	ctgcagcagg	caaagccgaa	1860
	getgcccgtg	gcacagctaa	tactgcagcc	gacaaggccg	aaqctatcgc	tgcnaaagt	1920
	accgacatca	aagctgatat	ngctacgaac	aaagataata	ttgctaaaaa	agcaaacagt	1980
40	gccgacgtgt	acaccagaga	agagctcga	agcaaatctg	tcagatctga	tggictgaac	2040
	gctactaccg	aaaatctgga	cacacgcttg	gctctctgctg	aaaaatccat	tgccgatca	2100
	gatactcccc	tgaacqgttt	gdataaaaaa	gtgtcaagcc	tcgcaaaaga	aaccgcgcaa	2160
	ggccttneag	aaacaagccc	gctctccggc	atgltccaa	cttaaaagct	gggtcggttc	2220
	aatlytaacgg	ctgcagtcgg	cggtacaaa	tcgcaatcgg	caytcgcaat	cggtaccgyc	2280
45	ttccgcttfa	ccgaaaactt	tgcggcaaaa	gcaggcctgg	cgctcggca	ttcgtccggt	2340
	tttccgcaq	ccatccctgt	ccgcctcaat	ccagagctgg	aaatcgag		2388

<210> 93

50 <211> 793

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

55 <220>

<223> delta G287-961

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 93

5 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
1 5 10 15

Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu Val Lys Glu Asp Ala Pro
20 25 30

10 Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Thr Gln Gly Ser Gln
35 40 45

Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
50 55 60

15 Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Pro Gln Asn Asp Met
65 70 75 80

20 Pro Gln Asn Ser Ala Glu Ser Ala Asn Gln Thr Gly Asn Asn Gln Pro
85 90 95

Ala Asp Ser Ser Asp Ser Ala Pro Ala Ser Asn Pro Ala Pro Ala Asn
100 105 110

25 Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu Ala Asn Gly Val Leu Ile
115 120 125

30 Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His Cys Lys Gly Asp Ser
130 135 140

Cys Asn Gly Asp Asn Leu Leu Asp Glu Glu Ala Pro Ser Lys Ser Glu
145 150 155 160

35 Phe Glu Asn Leu Asn Glu Ser Glu Arg Ile Glu Lys Tyr Lys Lys Asp
165 170 175

40 Gly Lys Ser Asp Lys Phe Thr Asn Leu Val Ala Thr Ala Val Gln Ala
180 185 190

45
50
55
60
65

ES 2 281 409 T3

Asn Gly Thr Asn Lys Tyr Val Ile Ile Tyr Lys Asp Lys Ser Ala Ser
 195 200 205
 5 Ser Ser Ser Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg Arg Ser Leu
 210 215 220
 10 Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln Ala Asp Thr Leu Ile
 225 230 235 240
 Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His Ser Gly Asn Ile Phe
 245 250 255
 15 Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr Gly Ala Glu Lys Leu
 260 265 270
 20 Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly Glu Pro Ala Lys Gly
 275 280 285
 Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn Gly Glu Val Leu His Phe
 290 295 300
 25 His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr Arg Gly Arg Phe Ala Ala
 305 310 315 320
 Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly Ile Ile Asp Ser Gly
 325 330 335
 30 Asp Asp Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe Lys Ala Ala Ile Asp Gly
 340 345 350
 Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly Gly Gly Asp Val Ser
 355 360 365
 35 Gly Arg Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val Ala Gly Lys Tyr Ser
 370 375 380
 40 Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe Gly Val Phe Ala Gly
 385 390 395 400
 Lys Lys Glu Gln Asp Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asp
 405 410 415
 45 Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala Ala Ala Tyr Asn Asn
 420 425 430
 Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile
 435 440 445
 50 Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val
 450 455 460
 55 Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys Lys Val Val Thr Asn
 465 470 475 480
 60 Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val
 485 490 495

ES 2 281 409 T3

Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp
 500 505 510
 5 Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr
 515 520 525
 Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu
 530 535 540
 10 Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala
 545 550 555 560
 Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser
 565 570 575
 15 Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn
 580 585 590
 20 Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys
 595 600 605
 Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly
 610 615 620
 25 Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala Val Ala Ala Lys Val
 625 630 635 640
 Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys
 645 650 655
 30 Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys
 660 665 670
 35 Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr
 675 680 685
 Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala Asp His Asp Thr Arg Leu
 690 695 700
 40 Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu Arg Lys Glu Thr Arg Gln
 705 710 715 720
 Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu Phe Gln Pro Tyr Asn
 725 730 735
 45 Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val Gly Gly Tyr Lys Ser Glu
 740 745 750
 Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg Phe Thr Glu Asn Phe Ala
 755 760 765
 50 Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser Ser Gly Ser Ser Ala Ala
 770 775 780
 55 Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp
 785 790

<210> 94

<211> 2700

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> delta G287NZ-919

ES 2 281 409 T3

<400> 94

	atggctagcc	ccgatgtcaa	gtcggcggac	acgctgtcaa	aacctgccgc	ccctgtttgtt	60
	tctgaaaaag	agacagagggc	aaaggaagat	gcgccacagg	caggttctca	aggacagggc	120
5	ggcccatccg	cacaagggcg	tcaagatatg	gcggcggttt	cggaagaaa	tacaggcaat	180
	ggcggtgccg	cagcaacgga	caaaccctaaa	aatgaagacg	agggggcgca	aatgatgatg	240
	ccgcaaatg	ccgccgatac	agatagtttg	acaccgaatc	acaccccggc	ttcgaatatg	300
	ccggccggaa	atatggaaaa	ccaagcacgc	gatgccgggg	aatcggagca	gccggcaaac	360
	caaccggata	tggcaaatac	ggcggacgga	atgcagggtg	acgatccgtc	ggcaggccggg	420
10	gaaatgccc	gcaatcacggc	tgcccgaaggt	acaaatcaag	ccgaaaacaa	tcaaaccgcc	480
	ggttctcaaa	atcctgcctc	ttcaaccaat	cctagcgcca	cgaaatagcgg	tggtgatttt	540
	ggaaaggacga	acgtgggcaa	ttctgtttgtg	attgacgggc	cgtcgcaaaa	tataacgttg	600
	acccaCtGta	aaggcgattc	ttgtagtggc	aatbaatttct	tggatgaaqa	agtacagcta	660
15	aaatcagaat	ttgaaaaatt	aaqtgatgca	gacaaaataa	gtaattacaa	gaaagatggg	720
	aagaatgacg	ggaagaatga	taaattttgtc	ggtttgggtg	ccgatagtgt	gcagatgaag	780
	ggaatcaatc	aataLattlat	cttttataaa	cctaaaccca	cttcatttgc	gcatattagg	840
	cgttctgcac	ggtcgaggcg	gtcgettccg	gccgagatgc	cgtgattcc	cgtcaatcag	900
	gccgatacgc	tqattgtcga	tggggaagcg	gtcagcctga	cggggcattc	cggcaatc	960
20	ltcgcgcccg	aagggaatta	ccggatctcg	acttaecgggg	cggaaaaatt	gcccgccggg	1020
	tcgtatgccc	tcctgttca	aggcgaacct	tcaaaaggcg	aaatgctcgc	ggcaccggca	1080
	gtgtacaacg	gcyaagtgc	gcattttcat	acggaaaaacg	gccgtccgtc	cccgtccaga	1140
	ggcaggtttg	ccgcaaaagt	cgatttccggc	agcaaatctg	tggacggcat	tatcgacagc	1200
	ggcagatgggt	tgcataatggg	tacgcaaaaa	ttcaaaagccg	ccatcgatgg	aaaaggcttt	1260
25	aaigggaactt	ggacggaaa	tggcgggggg	galgtttccg	gaaagtttta	cggcccggcc	1320
	ggcagaggaag	tgccgggaaa	atacagctat	cgcccacacg	atgcygaaa	gggcccgatc	1380
	ggcgtgtttg	ccggcaaaaa	agagcagyat	ggatccggag	gaggaggatq	ccaaagcaag	1440
	agcatccaaa	cttttccgca	acccgacaca	tccctcatca	acggcccggg	ccngcccgtc	1500
30	ggcatccccc	accccgcggg	aaagcaggtc	ggcggcggcg	ggcgcgtcta	taccgttcta	1560
	ccgcaactgt	ccctgcccca	ctggggggcg	caggatttccg	ccaaaagcct	gcaatccttc	1620
	cgcctcgggt	gcgccaatll	gaaaacccgc	caaggctggc	aggatgtgtg	cgcccaagcc	1680
	tttcaaaccc	ccgtccattc	ctttcagcca	aaacagtttt	ttgaacgcta	tttcaagccc	1740
	tggcaggttg	caggcaacgg	aaqcccttgc	ggtaagghta	ccggctatta	cgagccggtg	1800
35	ctgaagggcg	acgaacggcg	gacggcaca	gcccgcttcc	cgatttaagg	tattcccagc	1860
	gaLttlatel	ccctccccc	gcctgcctgt	ttggggagcg	gaaaagccct	tgcccgcate	1920
	aggcagacgg	gaaaaaacag	cggaacaate	gacaataccg	ggggcacaca	taccgcgcag	1980
	ctctcccgat	tcccatac	cccgccaca	acggcaatca	aaqgraggtr	tgaaggaaag	2040
	cgttccctcc	ccatacaaac	ggcaacaaa	atcaacggcg	gcgcgcttga	cggcaaaagc	2100
40	ccgatactcg	gtaacgcgca	agcccccgtc	gaactlllll	ttatgcacat	ccaaagctcg	2160
	ggcctgtctga	aaaccccgtc	cggcaatac	atccgcacg	gctatgcoga	caaaaagaa	2220
	catccctacg	ttccatcggg	acgctatatg	ggggacaaaq	gctacctcaa	actcggccag	2280
	acclcgatgc	aggccatcaa	agcctatatg	cggcaaaate	cgcacagcct	cggcgaagct	2340
45	ctgggtcaaa	accccagctg	tatctllttc	ccggagcttg	ccggaagcag	caatgacggt	2400
	cccgtggggc	caclgggcac	gccttggatg	gggtaatatg	ccggcgcagt	cgaccggcac	2460
	tacattaacct	tgggcgcgcc	cttatltgtc	gccacccgcc	atccggttac	ccgcaaaagc	2520
	ctcaaccgct	tgatttatggc	gcaggatacc	ggcagccgca	ttaaaggcgc	ggtgcgcgtg	2580
	gattatlttt	ggggatccgg	gcaggaagcc	ggcgaacttg	ccggcaaaaca	gaaaccacag	2640
50	ggttaacqct	ggcggctctc	acccaacggg	atgaayucgg	aataccgcc	gtaaaagctt	2700

<210> 95

<211> 897

55

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG287NZ-919

65

ES 2 281 409 T3

<400> 95

5 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
1 5 10 15

Ala Pro Val Val Ser Glu Lys Glu Thr Glu Ala Lys Glu Asp Ala Pro
20 25 30

10 Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Ala Gln Gly Gly Gln
35 40 45

Asp Met Ala Ala Val Ser Glu Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
50 55 60

15 Ala Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Ala Gln Asn Asp Met
65 70 75 80

20 Pro Gln Asn Ala Ala Asp Thr Asp Ser Leu Thr Pro Asn His Thr Pro
85 90 95

Ala Ser Asn Met Pro Ala Gly Asn Met Glu Asn Gln Ala Pro Asp Ala
100 105 110

25 Gly Glu Ser Glu Gln Pro Ala Asn Gln Pro Asp Met Ala Asn Thr Ala
115 120 125

30 Asp Gly Met Gln Gly Asp Asp Pro Ser Ala Gly Gly Glu Asn Ala Gly
130 135 140

Asn Thr Ala Ala Gln Gly Thr Asn Gln Ala Glu Asn Asn Gln Thr Ala
145 150 155 160

35 Gly Ser Gln Asn Pro Ala Ser Ser Thr Asn Pro Ser Ala Thr Asn Ser
165 170 175

40 Gly Gly Asp Phe Gly Arg Thr Asn Val Gly Asn Ser Val Val Ile Asp
180 185 190

Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His Cys Lys Gly Asp Ser Cys
195 200 205

45 Ser Gly Asn Asn Phe Leu Asp Glu Glu Val Gln Leu Lys Ser Glu Phe
210 215 220

Glu Lys Leu Ser Asp Ala Asp Lys Ile Ser Asn Tyr Lys Lys Asp Gly
225 230 235 240

50 Lys Asn Asp Gly Lys Asn Asp Lys Phe Val Gly Leu Val Ala Asp Ser
245 250 255

55 Val Gln Met Lys Gly Ile Asn Gln Tyr Ile Ile Phe Tyr Lys Pro Lys
260 265 270

60

65

ES 2 281 409 T3

5 Pro Thr Ser Phe Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg Arg Ser
 275 280 285
 10 Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln Ala Asp Thr Leu
 290 295 300
 15 Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His Ser Gly Asn Ile
 305 310 315 320
 20 Phe Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr Gly Ala Glu Lys
 325 330 335
 25 Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly Glu Pro Ser Lys
 340 345 350
 30 Gly Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn Gly Glu Val Leu His
 355 360 365
 35 Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Ser Pro Ser Arg Gly Arg Phe Ala
 370 375 380
 40 Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly Ile Ile Asp Ser
 385 390 395 400
 45 Gly Asp Gly Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe Lys Ala Ala Ile Asp
 405 410 415
 50 Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly Gly Gly Asp Val
 420 425 430
 55 Ser Gly Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val Ala Gly Lys Tyr
 435 440 445
 60 Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe Gly Val Phe Ala
 450 455 460
 65 Gly Lys Lys Glu Gln Asp Gly Ser Gly Gly Gly Gly Cys Gln Ser Lys
 465 470 475 480
 70 Ser Ile Gln Thr Phe Pro Gln Pro Asp Thr Ser Val Ile Asn Gly Pro
 485 490 495
 75 Asp Arg Pro Val Gly Ile Pro Asp Pro Ala Gly Thr Thr Val Gly Gly
 500 505 510
 80 Gly Gly Ala Val Tyr Thr Val Val Pro His Leu Ser Leu Pro His Trp
 515 520 525
 85 Ala Ala Gln Asp Phe Ala Lys Ser Leu Gln Ser Phe Arg Leu Gly Cys
 530 535 540
 90 Ala Asn Leu Lys Asn Arg Gln Gly Trp Gln Asp Val Cys Ala Gln Ala
 545 550 555 560
 95 Phe Gln Thr Pro Val His Ser Phe Gln Ala Lys Gln Phe Phe Glu Arg
 565 570 575

ES 2 281 409 T3

Tyr Phe Thr Pro Trp Gln Val Ala Gly Asn Gly Ser Leu Ala Gly Thr
 580 585 590
 5 Val Thr Gly Tyr Tyr Glu Pro Val Leu Lys Gly Asp Asp Arg Arg Thr
 595 600 605
 10 Ala Gln Ala Arg Phe Pro Ile Tyr Gly Ile Pro Asp Asp Phe Ile Ser
 610 615 620
 15 Val Pro Leu Pro Ala Gly Leu Arg Ser Gly Lys Ala Leu Val Arg Ile
 625 630 635 640
 Arg Gln Thr Gly Lys Asn Ser Gly Thr Ile Asp Asn Thr Gly Gly Thr
 645 650 655
 20 His Thr Ala Asp Leu Ser Arg Phe Pro Ile Thr Ala Arg Thr Thr Ala
 660 665 670
 25 Ile Lys Gly Arg Phe Glu Gly Ser Arg Phe Leu Pro Tyr His Thr Arg
 675 680 685
 Asn Gln Ile Asn Gly Gly Ala Leu Asp Gly Lys Ala Pro Ile Leu Gly
 690 695 700
 30 Tyr Ala Glu Asp Pro Val Glu Leu Phe Phe Met His Ile Gln Gly Ser
 705 710 715 720
 Gly Arg Leu Lys Thr Pro Ser Gly Lys Tyr Ile Arg Ile Gly Tyr Ala
 725 730 735
 35 Asp Lys Asn Glu His Pro Tyr Val Ser Ile Gly Arg Tyr Met Ala Asp
 740 745 750
 Lys Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Gln Thr Ser Met Gln Gly Ile Lys Ala
 755 760 765
 40 Tyr Met Arg Gln Asn Pro Gln Arg Leu Ala Glu Val Leu Gly Gln Asn
 770 775 780
 Pro Ser Tyr Ile Phe Phe Arg Gln Leu Ala Gly Ser Ser Asn Asp Gly
 785 790 795 800
 45 Pro Val Gly Ala Leu Gly Thr Pro Leu Met Gly Glu Tyr Ala Gly Ala
 805 810 815
 50 Val Asp Arg His Tyr Ile Thr Leu Gly Ala Pro Leu Phe Val Ala Thr
 820 825 830
 Ala His Pro Val Thr Arg Lys Ala Leu Asn Arg Leu Ile Met Ala Gln
 835 840 845
 55 Asp Thr Gly Ser Ala Ile Lys Gly Ala Val Arg Val Asp Tyr Phe Trp
 850 855 860
 60 Gly Tyr Gly Asp Glu Ala Gly Glu Leu Ala Gly Lys Gln Lys Thr Thr
 865 870 875 880
 65 Gly Tyr Val Trp Gln Leu Leu Pro Asn Gly Met Lys Pro Glu Tyr Arg
 885 890 895
 Pro

ES 2 281 409 T3

<210> 96

<211> 1941

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG287NZ-953

10

<400> 96

15	atggetagcc	ccgatgtcaa	gtcggcggac	acgctgtcaa	aacctgccgc	cctgttggtt	60
	tctgaaaaag	agacagaggr	aaaggaagat	gcgccacagg	caggttctca	aggacagggc	120
	gcgccatccg	cacaaggcgg	tcaagatatg	gcggcggttt	cggaagaaaa	tacaggcaat	180
	ggcggtgccg	cagcaacgga	caaaccctaa	aatgaagacg	agggggcgca	aatgatgatg	240
	ccgcaaaatg	ccgcegatcc	agatagtttg	acaccgaatc	acaccgccgc	ttcgaatatg	300
	ccggccggaa	atatggaaaa	ccaagcaccg	gatgccgggg	aatcggagca	gcgggcaaac	360
20	caaccggata	tggcaaatcc	ggcggacgga	atgcagggtg	acgatccgtc	ggcaggcggg	420
	gaaaatgccg	gcaatccggc	tgccccaggt	acaaatcaag	ccgaaaacaa	tcaaacccgc	480
	ggttctcctc	atcctgcctc	ttcaaccaat	cctagcgcga	cgaatagcgg	tggtgathtt	540
	ggaaggacga	acgthggca	ttctgtttgt	atbtagcggc	cgtcgcctaa	tataacgltg	600
	accactgtta	aaggggatcc	ttgtagtggc	aataattctc	tggtatgaaga	agtacagcta	660
25	aatcagaat	ttgaaaaatt	aagtgatgca	gacaaataa	gtaattacaa	gaagatggg	720
	aagaaatgac	ggaagaatga	taaatttgtc	ggtttggttg	ccgatagtgt	gcagatgaag	780
	ggaatcaatc	aatatattat	cttttataaa	cttaaaccca	cttcatttgc	gcgathtagg	840
	cgttctgcac	ggtcagggcg	gtccttccg	gcctgagatgc	cgtgatctcc	cgtcaatcag	900
30	gaggatccgc	tgatttlycga	tygggaagcg	gtcagcctga	cggggcattc	cggcaatata	960
	ttccgcgccg	aagggaattt	ccggatctct	acttacgggg	cggaaaaatt	gcccggcggg	1020
	tccgatgcgc	tcctgtttca	agggcaacct	tcaaaaggcg	aaatgctcgc	gggcacggca	1080
	gtgtcaaacg	gggaagtgtc	gcattttcat	acggaaaacg	gccttccgtc	cccttccaga	1140
	ggtaggtttg	ccgcaaaagt	cgatttccgc	agcaaatctg	tggacggcat	tatcgacagc	1200
35	ggcagatcgt	tcaatattggg	tacgcataaaa	ttcaaaagcc	ccatcgatgg	aaacggcttt	1260
	aaggggactt	ggacgggaaa	tyggcgccggg	gatgtttccg	gaaaqtltta	cggcccggcc	1320
	ggcgaggaag	tggcgggaaa	atcacgctat	cgcaccaacg	atgcccgaaa	ggcgggatcc	1380
	gqcggtgttt	ccggcaaaaa	agagcaggat	ggatccggag	gaggaggagc	caactacaaa	1440
40	gtggaagcaat	atcacgcctaa	cgcccqtltc	gcctatcgacc	atttcaaac	cagcaccacc	1500
	gtcggcgggt	tttaccggtct	gaccggttcc	gtcaggttcg	accaagcaaa	acgcgacggc	1560
	aaaatcgaca	tcaccatccc	cgtttgccaac	ctggcaaaagc	gttcgcatac	ctttaccgac	1620
	caactgaant	cagcgcacat	cttcgatgcc	gcccaatata	cggacatccg	ctttgtttcc	1680
	accaaatcca	acttcaacgg	caaaaactg	gtttccgtty	acggcaacct	gacctgcac	1740
45	ggcaaaaacc	cccccgtaaa	actcaaaagcc	gaaaaatcca	actgctacca	aagcccagac	1800
	ggcaaaaacc	aagtttggcg	cgccgacttc	agcaacacca	tcgaccgcac	caaatggggc	1860
	gtggactacc	togtlaacgt	tggtatgacc	aaaagcgtcc	gcacgcacat	caaatcgac	1920
	gcagccaaac	aataaaagct	t				1941

50

<210> 97

<211> 644

<212> PRT

55 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG827NZ-953

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 97

5 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
1 5 10 15

Ala Pro Val Val Ser Glu Lys Glu Thr Glu Ala Lys Glu Asp Ala Pro
20 25 30

10 Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Ala Gln Gly Gly Gln
35 40 45

15 Asp Met Ala Ala Val Ser Glu Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
50 55 60

Ala Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Ala Gln Asn Asp Met
65 70 75 80

20 Pro Gln Asn Ala Ala Asp Thr Asp Ser Leu Thr Pro Asn His Thr Pro
85 90 95

Ala Ser Asn Met Pro Ala Gly Asn Met Glu Asn Gln Ala Pro Asp Ala
100 105 110

25 Gly Glu Ser Glu Gln Pro Ala Asn Gln Pro Asp Met Ala Asn Thr Ala
115 120 125

30 Asp Gly Met Gln Gly Asp Asp Pro Ser Ala Gly Gly Gln Asn Ala Gly
130 135 140

Asn Thr Ala Ala Gln Gly Thr Asn Gln Ala Glu Asn Asn Gln Thr Ala
145 150 155 160

35 Gly Ser Gln Asn Pro Ala Ser Ser Thr Asn Pro Ser Ala Thr Asn Ser
155 170 175

40 Gly Gly Asp Phe Gly Arg Thr Asn Val Gly Asn Ser Val Val Ile Asp
180 185 190

Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His Cys Lys Gly Asp Ser Cys
195 200 205

45 Ser Gly Asn Asn Phe Leu Asp Glu Glu Val Gln Leu Lys Ser Gln Phe
210 215 220

Glu Lys Leu Ser Asp Ala Asp Lys Ile Ser Asn Tyr Lys Lys Asp Gly
225 230 235 240

50 Lys Asn Asp Gly Lys Asn Asp Lys Phe Val Gly Leu Val Ala Asp Ser
245 250 255

55 Val Gln Met Lys Gly Ile Asn Gln Tyr Ile Ile Phe Tyr Lys Pro Lys
260 265 270

Pro Thr Ser Phe Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg Arg Ser
275 280 285

60 Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn Gln Ala Asp Thr Leu

65

ES 2 281 409 T3

	290						295							300		
	Ile	Val	Asp	Gly	Glu	Ala	Val	Ser	Leu	Thr	Gly	His	Ser	Gly	Asn	Ile
5	305					310					315				320	
	Phe	Ala	Pro	Glu	Gly	Asn	Tyr	Arg	Tyr	Leu	Thr	Tyr	Gly	Ala	Glu	Lys
					325					330					335	
10	Leu	Pro	Gly	Gly	Ser	Tyr	Ala	Leu	Arg	Val	Gln	Gly	Glu	Pro	Ser	Lys
				340					345					350		
	Gly	Glu	Met	Leu	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Tyr	Asn	Gly	Glu	Val	Leu	His
			355					360					365			
15	Phe	His	Thr	Glu	Asn	Gly	Arg	Pro	Ser	Pro	Ser	Arg	Gly	Arg	Phe	Ala
		370					375						380			
	Ala	Lys	Val	Asp	Phe	Gly	Ser	Lys	Ser	Val	Asp	Gly	Ile	Ile	Asp	Ser
20	385					390					395					400
	Gly	Asp	Gly	Leu	His	Met	Gly	Thr	Gln	Lys	Phe	Lys	Ala	Ala	Ile	Asp
					405					410						415
25	Gly	Asn	Gly	Phe	Lys	Gly	Thr	Trp	Thr	Glu	Asn	Gly	Gly	Gly	Asp	Val
				420					425						430	
	Ser	Gly	Lys	Phe	Tyr	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu	Glu	Val	Ala	Gly	Lys	Tyr
			435					440					445			
30	Ser	Tyr	Arg	Pro	Thr	Asp	Ala	Glu	Lys	Gly	Gly	Phe	Gly	Val	Phe	Ala
		450					455						460			
	Gly	Lys	Lys	Glu	Gln	Asp	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Tyr	Lys
35	465					470					475					480
	Val	Asp	Glu	Tyr	His	Ala	Asn	Ala	Arg	Phe	Ala	Ile	Asp	His	Phe	Asn
					485					490						495
40	Thr	Ser	Thr	Asn	Val	Gly	Gly	Phe	Tyr	Gly	Leu	Thr	Gly	Ser	Val	Glu
				500					505						510	
	Phe	Asp	Gln	Ala	Lys	Arg	Asp	Gly	Lys	Ile	Asp	Ile	Thr	Ile	Pro	Val
				515				520					525			
45	Ala	Asn	Leu	Gln	Ser	Gly	Ser	Gln	His	Phe	Thr	Asp	His	Leu	Lys	Ser
		530						535					540			
	Ala	Asp	Ile	Phe	Asp	Ala	Ala	Gln	Tyr	Pro	Asp	Ile	Arg	Phe	Val	Ser
50	545					550					555					560
	Thr	Lys	Phe	Asn	Phe	Asn	Gly	Lys	Lys	Leu	Val	Ser	Val	Asp	Gly	Asn
					565					570					575	
55	Leu	Thr	Met	His	Gly	Lys	Thr	Ala	Pro	Val	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Lys
				580					585						590	
	Phe	Asn	Cys	Tyr	Gln	Ser	Pro	Met	Ala	Lys	Thr	Glu	Val	Cys	Gly	Gly
60																
			595						600							605
	Asp	Phe	Ser	Thr	Thr	Ile	Asp	Arg	Thr	Lys	Trp	Gly	Val	Asp	Tyr	Leu
		610						615					620			
	Val	Asn	Val	Gly	Met	Thr	Lys	Ser	Val	Arg	Ile	Asp	Ile	Gln	Ile	Glu
65	625					630						635				640
	Ala	Ala	Lys	Gln												

ES 2 281 409 T3

<210> 98

<211> 2583

<212> ADN

5 <213> Secuencia arficial

<220>

<223> deltaG287NZ-961

10

<400> 98

15 atggctagcc ccgatgtcaa gtcggcggac acgctgtcaa aacctgccgc ccctgttgtt 60
tctgaaaaag agacagaggc aaaggaagat gcgccacagg caggttctca aggacagggc 120
gcccattccg cacaaggcgg tcaagatatg gcggcggttt cggagaaaaa tacaggcaat 180
ggcgggtgcgg cagcaacgga caaacccaaa aatgaagacg agggggcgca aaatgatatg 240
ccgcaaaatg ccgccgatac agatagtttg acaccgaatc acaccccggc ttcgaatatg 300
ccggccggaa atatggaaaa ccaagcaccg gatgccgggg aatcggagca gccggcaaac 360
20 caaccggata tggcaaatat ggccggacgga atgcagggtg acgatccgtc ggaggcggg 420
gaaaatgccg gcaatacggc tgcccaaggt acaaatcaag ccgaaaacaa tcaaacggcc 480
ggttctcaaa atcctgcctc ttcaaccaat cctagcgcca cgaatagcgg tggtagattt 540
ggaaggacga acgtgggcaa ttctgttctg attgacgggc cgtcgcaaaa tataacgttg 600
25 acccactgta aaggcgattc ttgtagtggc aataatttct tggatgaaga agtacagcta 660
aaatcagaat ttgaaaaatt aagtgatgca gacaaaaata gtaattacaa gaaagatggg 720
aagaatgacg ggaagaatga taaatctgtc ggtttggttg ccgatagtgt gcagatgaag 780
ggaatcaatc aatatattat cttttataaa cctaaaccca cttcatttgc gcgatttagg 840
cgttctgcac ggtcggagcg gtcgcttccg gccgagatgc cgtgattcc cgtcaatcag 900
30 gccgatacgc tgattgtcga tggggaagcg gtcagcctga cggggcattc cggaatatac 960
ttcgcgcccg aagggaaata ccggtatctg acttaccggg cggaaaaatt gcccgccgga 1020
tcgatgccc tcctgttca aggcgaacct tcaaaaggcg aaatgctcgc gggcacggca 1080
gtgtacaacg gcgaagtget gcattttcat acggaaaacg gccgtccgtc ccctccaga 1140
ggcaggtttg ccgcaaaagt cgatttcggc agcaaatctg ttgacggcat tctcgacagc 1200
35 ggcgatggtt tgcataatgg tacgcaaaaa ttcaaagcgc ccatcgatgg aaacggcttt 1260
aaggggactt ygacggaaaa tggcggcggg gatgtttccg gaaagtttta cggcccggcc 1320
ggcgaggaaq tggcgggaaa atacagctat cgcaccaacg atgcccgaaa ggccggattc 1380
ggcgtgtttg ccggcaaaaa agagcaggat ggtaccggag gaggaggagc cacaaaacgac 1440
gacgatgtta aaaaagctgc cactgtggcc attgtgctg cctacaacia tggccaagaa 1500
40 atcaacggtt tcaaaagctg agagaccatc tacgacattg atgaagacgg cacaattacc 1560
aaaaaaqacg caactgcagc cgatgttgaa gccgacgact ttaaaggtct gggctcgaau 1620
aaagtctgta ctaacctgac caaaaccgtc aatgaaaaca acaaaaacgt cgatgccaaa 1680
gtaaaagctg cagaatctga aatagaaaa ttacaacca agttagcaga cactgatgcc 1740
gclttagcag atactgatgc cgtctctggat gcaaccacca acgcccgtga taaattggga 1800
45 gaaaaataaa ccacatttgc tgaagagact aagaataata tccgtaaaaat tcatgaaaaa 1860
ttgaagaccg tggctgatac cgttcgacaag catgcccgaag cattoaacga tctcggcgat 1920
tcaattgatg aaaccaacac taagccacac gaagccqlca aaaccgcaa tgaagccaaa 1980
cagacggccg aagaaaacaa acaaaaagtc gatgccaag taaaagctgc agaaactgca 2040
gcagqcaag ccgaagctgc tgcctggcaca gcaataactg cagccgacac ggcggaagct 2100
50 gtcgctgcaa aagttaccga catcaaaact gatatcgtca cgaacaaaga taatatgct 2160
aaaaaagcaa acadtaccga agtctacacc aaqraaagat ctgacagcaa atttgtcaga 2220

55

attgatgggc tgaacgcttc taccgaaaaa ttgcacacac gcttggcctc tgnrgaaaaa 2280
tcnathgorg atcaagatad tccgntgaac gqhttggata aaacagtgtc agacctgggc 2340
60 aaagaaaccc gccaaagcct tgcagaacaa gcngcgtctc ccggtctgtt ccaaccttac 2400
aagltgggtc gqttcaactg aagggctgca gtccggcgtt caaantccga atcggcagtc 2460
gccatcggta ccggcttccg ctctaccgaa aactttgccc ccaagcagg cgtcggcagtc 2520
ggcacltqgt ccggtctctc ggcagctfac catgtccggc tcaattacga gttgttaaaq 2580
ett 2583

65

ES 2 281 409 T3

<210> 99

<211> 858

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG287NZ-961

10

<400> 99

15 Met Ala Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp Thr Leu Ser Lys Pro Ala
1 5 10 15

Ala Pro Val Val Ser Glu Lys Glu Thr Glu Ala Lys Glu Asp Ala Pro
20 20 25 30

Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro Ser Ala Gln Gly Gly Gln
25 35 40 45

Asp Met Ala Ala Val Ser Glu Glu Asn Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ala
50 55 60

Ala Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu Gly Ala Gln Asn Asp Met
65 70 75 80

Pro Gln Asn Ala Ala Asp Thr Asp Ser Leu Thr Pro Asn His Thr Pro
85 90 95

Ala Ser Asn Met Pro Ala Gly Asn Met Glu Asn Gln Ala Pro Asp Ala
100 105 110

Gly Glu Ser Glu Gln Pro Ala Asn Gln Pro Asp Met Ala Asn Thr Ala
115 120 125

Asp Gly Met Gln Gly Asp Asp Pro Ser Ala Gly Gly Glu Asn Ala Gly
130 135 140

Asn Thr Ala Ala Gln Gly Thr Asn Gln Ala Glu Asn Asn Gln Thr Ala
145 150 155 160

Gly Ser Gln Asn Pro Ala Ser Ser Thr Asn Pro Ser Ala Thr Asn Ser
165 170 175

Gly Gly Asp Phe Gly Arg Thr Asn Val Gly Asn Ser Val Val Ile Asp
180 185 190

Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His Cys Lys Gly Asp Ser Cys
195 200 205

Ser Gly Asn Asp Phe Leu Asp Glu Glu Val Gln Leu Lys Ser Glu Phe

55

60

65

ES 2 281 409 T3

	210		215		220															
5	Glu	Lys	Leu	Ser	Asp	Ala	Asp	Lys	Ile	Ser	Asn	Tyr	Lys	Lys	Asp	Gly	225	230	235	240
	Lys	Asn	Asp	Gly	Lys	Asn	Asp	Lys	Phe	Val	Gly	Leu	Val	Ala	Asp	Ser	245	250	255	
10	Val	Gln	Met	Lys	Gly	Ile	Asn	Gln	Tyr	Ile	Ile	Phe	Tyr	Lys	Pro	Lys	260	265	270	
15	Pro	Thr	Ser	Phe	Ala	Arg	Phe	Arg	Arg	Ser	Ala	Arg	Ser	Arg	Arg	Ser	275	280	285	
	Leu	Pro	Ala	Glu	Met	Pro	Leu	Ile	Pro	Val	Asn	Gln	Ala	Asp	Thr	Leu	290	295	300	
20	Ile	Val	Asp	Gly	Glu	Ala	Val	Ser	Leu	Thr	Gly	His	Ser	Gly	Asn	Ile	305	310	315	320
	Phe	Ala	Pro	Glu	Gly	Asn	Tyr	Arg	Tyr	Leu	Thr	Tyr	Gly	Ala	Glu	Lys	325	330	335	
25	Leu	Pro	Gly	Gly	Ser	Tyr	Ala	Leu	Arg	Val	Gln	Gly	Glu	Pro	Ser	Lys	340	345	350	
30	Gly	Glu	Met	Leu	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Tyr	Asn	Gly	Glu	Val	Leu	His	355	360	365	
	Phe	His	Thr	Glu	Asn	Gly	Arg	Pro	Ser	Pro	Ser	Arg	Gly	Arg	Phe	Ala	370	375	380	
35	Ala	Lys	Val	Asp	Phe	Gly	Ser	Lys	Ser	Val	Asp	Gly	Tle	Ile	Asp	Ser	385	390	395	400
40	Gly	Asp	Gly	Leu	His	Met	Gly	Thr	Gln	Lys	Phe	Lys	Ala	Ala	Ile	Asp	405	410	415	
	Gly	Asn	Gly	Phe	Lys	Gly	Thr	Trp	Thr	Glu	Asn	Gly	Gly	Gly	Asp	Val	420	425	430	
45	Ser	Gly	Lys	Phe	Tyr	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu	Glu	Val	Ala	Gly	Lys	Tyr	435	440	445	
	Ser	Tyr	Arg	Pro	Thr	Asp	Ala	Glu	Lys	Gly	Gly	Phe	Gly	Val	Phe	Ala	450	455	460	
50	Gly	Lys	Lys	Glu	Gln	Asp	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Asn	Asp	465	470	475	480
55	Asp	Asp	Val	Lys	Lys	Ala	Ala	Thr	Val	Ala	Ile	Ala	Ala	Ala	Tyr	Asn	485	490	495	
	Asn	Gly	Gln	Glu	Ile	Asn	Gly	Phe	Lys	Ala	Gly	Glu	Thr	Ile	Tyr	Asp	500	505	510	
60	Ile	Asp	Glu	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Lys	Lys	Asp	Ala	Thr	Ala	Ala	Asp				

65

ES 2 281 409 T3

	515	520	525
	Val Glu Ala Asp Asp Phe	Lys Gly Leu Gly Leu	Lys Lys Val Val Thr
5	530	535	540
	Asn Leu Thr Lys Thr Val	Asn Glu Asn Lys Gln Asn	Val Asp Ala Lys
	545	550	555 560
10	Val Lys Ala Ala Glu Ser	Glu Ile Glu Lys Leu Thr	Thr Lys Leu Ala
	565	570	575
	Asp Thr Asp Ala Ala Leu	Ala Asp Thr Asp Ala Ala	Leu Asp Ala Thr
	580	585	590
15	Thr Asn Ala Leu Asn Lys	Leu Gly Glu Asn Ile Thr	Thr Phe Ala Glu
	595	600	605
20	Glu Thr Lys Thr Asn Ile	Val Lys Ile Asp Glu Lys	Leu Glu Ala Val
	610	615	620
	Ala Asp Thr Val Asp Lys	His Ala Glu Ala Phe	Asn Asp Ile Ala Asp
	625	630	635 640
25	Ser Leu Asp Glu Thr Asn	Thr Lys Ala Asp Glu Ala	Val Lys Thr Ala
	645	650	655
	Asn Glu Ala Lys Gln Thr	Ala Glu Glu Thr Lys Gln	Asn Val Asp Ala
	660	665	670
30	Lys Val Lys Ala Ala Glu	Thr Ala Ala Gly Lys Ala	Glu Ala Ala Ala
	675	680	685
35	Gly Thr Ala Asn Thr Ala	Ala Asp Lys Ala Glu Ala	Val Ala Ala Lys
	690	695	700
	Val Thr Asp Ile Lys Ala	Asp Ile Ala Thr Asn Lys	Asp Asn Ile Ala
	705	710	715 720
40	Lys Lys Ala Asn Ser Ala	Asp Val Tyr Thr Arg Glu	Glu Ser Asp Ser
	725	730	735
	Lys Phe Val Arg Ile Asp	Gly Leu Asn Ala Thr Thr	Glu Lys Leu Asp
	740	745	750
45	Thr Arg Leu Ala Ser Ala	Glu Lys Ser Ile Ala Asp	His Asp Thr Arg
	755	760	765
50	Leu Asn Gly Leu Asp Lys	Thr Val Ser Asp Leu Arg	Lys Glu Thr Arg
	770	775	780
	Gln Gly Leu Ala Glu Gln	Ala Ala Leu Ser Gly Leu	Phe Gln Pro Tyr
	785	790	795 800
55	Asn Val Gly Arg Phe Asn	Val Thr Ala Ala Val Gly	Gly Tyr Lys Ser
	805	810	815
60	Glu Ser Ala Val Ala Ile	Gly Thr Gly Phe Arg Phe	Thr Glu Asn Phe
	820	825	830
	Ala Ala Lys Ala Gly Val	Ala Val Gly Thr Ser Ser	Gly Ser Ser Ala
	835	840	845
65	Ala Tyr His Val Gly Val	Asn Tyr Glu Trp	
	850	855	

ES 2 281 409 T3

<210> 100

<211> 4425

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG983-ORF46.1

10

<400> 100

	atgacttctg	cgcccgactt	caatgcaggc	ggtaccggta	tcggcagcaa	cagcagagca	60
15	acaacagcga	aatcagcagc	agtatcttac	gccggtatca	agaacgaaat	gtgcaaagac	120
	agaagcatgc	tctgtgccgg	tcgggatgac	gttgccggtta	cagacagggg	tgccaaaatc	180
	aatgcccccc	ccccgaatct	gcataccgga	gactttccaa	acccaaatga	cgcatacaag	240
	aatttgatca	acctcaaacc	tgcaattgaa	gcaggctata	caggacgcgg	ggtagaggta	300
	ggtatcgtcg	acacaggcga	atccgtcggc	agcatatect	ttcccgaact	gtatggcaga	360
20	aaagaacacg	gctataacga	aaattacaaa	aactatacgg	cgtatatgcg	gaaggaagcg	420
	cctgaagacg	gaggcggtaa	agacattgaa	gcttctttcg	acgatgaggc	cgttatagag	480
	actgaagcaa	agccgacgga	tatccgccac	gtaaaagaaa	tcggacacat	cgatttggtc	540
	tcccataatta	ttggcggggc	ttccgtggac	ggcagacctg	caggcgggat	tgcgcccgat	600
25	gcgacgctac	acataatgaa	tacgaatgat	gaaaccaaga	acgaaatgat	ggttgcagcc	660
	atccgcaatg	catgggtcaa	gctgggcgaa	cgtggcgtgc	gcatecgtcaa	taacagtttt	720
	ggaacaacat	cgagggcagg	cactgccgac	cttttccaaa	tagccaattc	ggaggagcag	780
	taccgccaaag	cgttgctcga	ctattccggc	ggtgataaaa	cagacgaggg	tatccgcctg	840
	atgcaacaga	gcgattacgg	caacctgtcc	taccacatcc	gtaataaaaa	catgcttttc	900
30	atcttttcga	caggcaatga	cgcacaaagt	cagcccaaca	catatgccct	attgccattt	960
	tatgaaaaag	acgctcaaaa	aggcattatc	acagtcgcag	gcgtagaccy	cagtggagaa	1020
	aagttcaaac	gggaaatgta	tggagaaccg	ggtacagaac	cgcttgagta	tggctccaac	1080
	cattgctggaa	ttactgccat	gtggtgctct	tcggcacect	atgaagcaag	cgctccgtttc	1140
35	accctgacaa	acecgattca	aattgccgga	acatectttt	ccgcacecat	cgtaaccggc	1200
	acggcggctc	tgctgctgca	gaaatacccg	tggatgagca	acgacaacct	gcgtaccaag	1260
	ttgctgacga	cggtcagga	catcggtyca	gtcggcgtgg	acagcaagtt	cggtcgggga	1320
	ctgctggatg	cgggtaaggg	catgaaccga	cccgcgtcct	ttccgttcgg	cgactttacc	1380
	gccgatacga	aaggtacatc	cgataattgc	tactccttcc	gtaacgacat	ttcaggaacg	1440
40	ggcggcctya	tcaaaaaagg	cygcagccaa	ctgcaactgc	acggcaacaa	cacctatacg	1500
	ggcaaaaacca	ttatcgaagg	cggttcgctg	gtgttgtagc	gcaacaacaa	atcggatatg	1560
	cgcgtcgaaa	ccaaagggtg	gctgatttat	aacggggcgg	catecggcgg	cagcctgaac	1620
	agcgacggca	ttgtctatct	ggcagatacc	gaccaatccg	gcgcaaacga	aaccgtacac	1680
	atcaaaggca	gtctgcagct	ggacggcaaa	ggtacgctgt	acacacgttt	gpgcaaacctg	1740
45	ctgaaagtgg	acggtacggc	gattatcggc	ggcaagctgt	acatgtcggc	acgcggcaag	1800
	ggggcaggct	atctcaacag	taccggacga	cgtgttccct	tccgtggtgc	cgccaaaatc	1860
	gggcaggatt	attctttctt	cacaaaacatc	gaaaccgagc	goggectget	ggettecttc	1920
	gacagcgtcg	aaaaaacagc	gggcagtgaa	ggcgacacgc	tgctctatta	tgctccgtgc	1980
50	ggcaatgcgg	cacggactgc	ttcggcagcg	gcacatcccg	cgcccgccgg	tctgaaacac	2040
	ggcgtagaac	agggcggcag	caatctggaa	aaactgatgg	togaactgga	tgctccgaa	2100
	tcatacggca	caccggagac	ggttgaaact	gcggcagccg	accgcacaga	tatgcccggc	2160
	atccgctcct	acggcgcac	ttccggcgca	ggggcagccg	tacagcatgc	gaatgcggcc	2220
	gacggtgtac	gcactctcaa	cagtcctcgg	gctacgctct	atgncgacag	taccgcggcc	2280
55	catcccgata	tgcagggagc	ccgcttgaaa	gcrgt atcgg	acggggtgga	ccaaacgggc	2340
	acgggtctgc	gcgtcctcgc	gcaaaacccaa	caggacggtg	gaacgtggga	acagggcggg	2400

60

65

ES 2 281 409 T3

gttgaaggca aaatgcgcyg cagtaccxaa accgtcggca ttgccgcgaa aaccggcgaa 2460
 aatacgacag cagccgccac actgggcatg ggacgcagca catggagcga aaacagtgc 2520
 aatgcaaaaa ccgacagcat tagtctgttt gcaggcatac ggcacgatgc gggcgatatac 2580
 5 ggctatctca aaggcctggt ctctacgga cgtacaaaa acagcatcag ccgcagcacc 2640
 ggtgcggacg aacatgcgga aggcagcgtc aacggcacgc tgatgcagct gggcgcaactg 2700
 ggcgggtgta acgttccggt tggcgcaacg ggagatttga cggtcgaagg cggctctgcgc 2760
 tacgacctgc tcaaacagga tgcattcgcc gaaaaaggca gtgctttggg ctggagcggc 2820
 aacagcctca ctgaaggcac gctggtcgga ctccgpggtc tgaagctgtc gcaacccttg 2880
 10 agcgataaag ccgtcctggt tgaacggcg ggcgtggaac gcgacctgaa cggacgcgac 2940
 tacacggtaa cgggcggctt taccggcgcg actgcagcaa ccggcaagac gggggcagc 3000
 aatatggcgc acaccctgct ggttgcgggc ctgggcgcgg atgtcgaatl cggcaacggc 3060
 tggaacggct tggcacgttc cagctacgcc ggttccaaac agtacggcaa ccacagcgg 3120
 cgagtcggcg taggctaacc gttcctcgac ggtggcggag gcaactggatc ctcaagattt 3180
 15 gcaaacgatt cttttatccg gcaggttctc gaccgtcagc atttcgaacc cgacgggaaa 3240
 taccacctat tggcagcag gggggaactl ccggagcga gcggccatat cggattggga 3300
 aaaatacaaa gccatcagtt gggcaacctg atgattcaac aggcggccat taaggaaat 3360
 atcggtctaca ttgtccgctt ttccgatcac gggcacgaaq tccattcccc cttegacaac 3420
 catgcctcac attccgattc tgatgaagcc ggtagtcccg ttgacggatt tagcctttac 3480
 cgcateccatt gggacggata cgaacaccat cccgcgcgag gctatgacgg gccacagggc 3540
 20 ggcggetate ccgctcccaa aggcgcgagg gatatalaca gctacgucac aaaaggcgtt 3600
 gcccaaaata tccgctcaa cctgaccgac aaccgcagca ccggacaacg gcttgcgcac 3660
 cgtttccaca atgcgggtag tatgctgacg caaggagtag gcgacggatt caaacgcgc 3720
 acccgataca gccccgagct ggacagatcg ggcaatgccc ccgaagcctt caacggcact 3780
 gcagatatcc ttaaaaacat catcggcgcg gcaggagaaa ttgtcggcgc aggcgatgcc 3840
 25 gtgcagggca taagcgaagg ctcaaacatt gctgtcatgc accgcttggg tctgctttcc 3900
 accgaaaaca agatggcgcg catcaacgat ttggcagata tggcgcaact caaagactat 3960
 gccgcagcag ccacccgcga ttgggcagtc caaaacccca atgcgcgaca aqcatagaa 4020
 gccgtcagca atatctttat ggcagccatc cccatcaaaq gatttgagc tgttcgggga 4080
 aaatacggct tgggcggcat cacggccatc cctatcaagc ggtcgcagat gggcgcgatc 4140
 30 gcattcgcca aagggaaate ccgctcagc gacozttttg ccgatgcggc atacgccaaa 4200
 taccgctccc ctaccatte ccgaaatate cgttcaaacl tggagcagcg ttaaggcaaa 4260
 gaaaacatac ctctctcaac cgtgcgcgcg tcaaacggca aaaatgtcaa actggcagac 4320
 caacgccacc cgaagacagc cgtaccgttt gacggtaaaq ggtttccgaa ttttgaqaag 4380
 cacgtgaat atgatacgtc cgaacaccac caccaccacc actga 4425

35 <210> 101
 <211> 1474
 <212> PRT
 40 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> deltaG983-ORF46.1
 45 <400> 101

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

ES 2 281 409 T3

	65				70					75				80		
5	Asn	Leu	Ile	Asn	Leu	Lys	Pro	Ala	Ile	Glu	Ala	Gly	Tyr	Thr	Gly	Arg
					85					90					95	
	Gly	Val	Glu	Val	Gly	Ile	Val	Asp	Thr	Gly	Glu	Ser	Val	Gly	Ser	Ile
					100				105					110		
10	Ser	Phe	Pro	Glu	Leu	Tyr	Gly	Arg	Lys	Glu	His	Gly	Tyr	Asn	Glu	Asn
			115					120					125			
	Tyr	Lys	Asn	Tyr	Thr	Ala	Tyr	Met	Arg	Lys	Glu	Ala	Pro	Glu	Asp	Gly
15		130					135					140				
	Gly	Gly	Lys	Asp	Ile	Glu	Ala	Ser	Phe	Asp	Asp	Glu	Ala	Val	Ile	Glu
	145					150					155					160
20	Thr	Glu	Ala	Lys	Pro	Thr	Asp	Ile	Arg	His	Val	Lys	Glu	Ile	Gly	His
					165					170					175	
	Ile	Asp	Leu	Val	Ser	His	Ile	Ile	Gly	Gly	Arg	Ser	Val	Asp	Gly	Arg
25				180					185					190		
	Pro	Ala	Gly	Gly	Ile	Ala	Pro	Asp	Ala	Thr	Leu	His	Ile	Met	Asn	Thr
			195					200					205			
30	Asn	Asp	Glu	Thr	Lys	Asn	Glu	Met	Met	Val	Ala	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala
		210					215					220				
	Trp	Val	Lys	Leu	Gly	Glu	Arg	Gly	Val	Arg	Ile	Val	Asn	Asn	Ser	Phe
	225					230				235						240
35	Gly	Thr	Thr	Ser	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Leu	Phe	Gln	Ile	Ala	Asn
					245					250					255	
40	Ser	Glu	Glu	Gln	Tyr	Arg	Gln	Ala	Leu	Leu	Asp	Tyr	Ser	Gly	Gly	Asp
				260					265					270		
	Lys	Thr	Asp	Glu	Gly	Ile	Arg	Leu	Met	Gln	Gln	Ser	Asp	Tyr	Gly	Asn
			275					280					285			
45	Leu	Ser	Tyr	His	Ile	Arg	Asn	Lys	Asn	Met	Leu	Phe	Ile	Phe	Ser	Thr
		290					295					300				
50	Gly	Asn	Asp	Ala	Gln	Ala	Gln	Pro	Asn	Thr	Tyr	Ala	Leu	Leu	Pro	Phe
	305					310					315					320
	Tyr	Glu	Lys	Asp	Ala	Gln	Lys	Gly	Ile	Ile	Thr	Val	Ala	Gly	Val	Asp
					325					330					335	
55	Arg	Ser	Gly	Glu	Lys	Phe	Lys	Arg	Glu	Met	Tyr	Gly	Glu	Pro	Gly	Thr
					340				345					350		
60	Glu	Pro	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ser	Asn	His	Cys	Gly	Ile	Thr	Ala	Met	Trp
			355					360					365			
65	Cys	Leu	Ser	Ala	Pro	Tyr	Glu	Ala	Ser	Val	Arg	Phe	Thr	Arg	Thr	Asn

ES 2 281 409 T3

	370					375										380
5	Pro	Ile	Gln	Ile	Ala	Gly	Thr	Ser	Phe	Ser	Ala	Pro	Ile	Val	Thr	Gly
	385					390					395					400
	Thr	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Gln	Lys	Tyr	Pro	Trp	Met	Ser	Asn	Asp	Asn
				405						410					415	
10	Leu	Arg	Thr	Thr	Leu	Leu	Thr	Thr	Ala	Gln	Asp	Ile	Gly	Ala	Val	Gly
				420					425					430		
	Val	Asp	Ser	Lys	Phe	Gly	Trp	Gly	Leu	Leu	Asp	Ala	Gly	Lys	Ala	Met
			435					440					445			
15	Asn	Gly	Pro	Ala	Ser	Phe	Pro	Phe	Gly	Asp	Phe	Thr	Ala	Asp	Thr	Lys
		450					455						460			
	Gly	Thr	Ser	Asp	Ile	Ala	Tyr	Ser	Phe	Arg	Asn	Asp	Ile	Ser	Gly	Thr
20	465					470					475					480
	Gly	Gly	Leu	Ile	Lys	Lys	Gly	Gly	Ser	Gln	Leu	Gln	Leu	His	Gly	Asn
				485						490					495	
25	Asn	Thr	Tyr	Thr	Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Glu	Gly	Gly	Ser	Leu	Val	Leu
				500					505					510		
	Tyr	Gly	Asn	Asn	Lys	Ser	Asp	Met	Arg	Val	Glu	Thr	Lys	Gly	Ala	Leu
			515					520						525		
30	Ile	Tyr	Asn	Gly	Ala	Ala	Ser	Gly	Gly	Ser	Leu	Asn	Ser	Asp	Gly	Ile
		530					535					540				
	Val	Tyr	Leu	Ala	Asp	Thr	Asp	Gln	Ser	Gly	Ala	Asn	Glu	Thr	Val	His
35	545					550					555					560
	Ile	Lys	Gly	Ser	Leu	Gln	Leu	Asp	Gly	Lys	Gly	Thr	Leu	Tyr	Thr	Arg
				565						570					575	
40	Leu	Gly	Lys	Leu	Leu	Lys	Val	Asp	Gly	Thr	Ala	Ile	Ile	Gly	Gly	Lys
			580						585					590		
	Leu	Tyr	Met	Ser	Ala	Arg	Gly	Lys	Gly	Ala	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ser	Thr
			595				600						605			
45	Gly	Arg	Arg	Val	Pro	Phe	Leu	Ser	Ala	Ala	Lys	Ile	Gly	Gln	Asp	Tyr
	610						615						620			
	Ser	Phe	Ile	Thr	Asn	Ile	Glu	Thr	Asp	Gly	Gly	Leu	Leu	Ala	Ser	Leu
50	625					630					635					640
	Asp	Ser	Val	Glu	Lys	Thr	Ala	Gly	Ser	Glu	Gly	Asp	Thr	Leu	Ser	Tyr
				645						650					655	
55	Tyr	Val	Arg	Arg	Gly	Asn	Ala	Ala	Arg	Thr	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	His
				660					665						670	
	Ser	Ala	Pro	Ala	Gly	Leu	Lys	His	Ala	Val	Glu	Gln	Gly	Gly	Ser	Asn

ES 2 281 409 T3

	675		680		685
5	Leu 690	Glu Asn Leu Met Val	Glu 695	Leu Asp Ala Ser	Glu Ser Ser 700
	Pro 705	Glu Thr Val	Ala Thr 710	Ala Ala Asp 715	Arg Thr Asp Met Pro Gly 720
10	Ile 725	Arg Pro Tyr	Gly Ala Thr 725	Phe Arg 730	Ala Ala Ala Val Gln His 735
15	Ala 740	Asn Ala Ala	Asp Gly Val 740	Arg Ile 745	Phe Asn Ser Leu Ala Thr 750
	Val 755	Tyr Ala Asp	Ser Thr Ala 755	Ala His 760	Ala Asp Met Gln Gly Arg Arg 765
20	Leu 770	Lys Ala Val	Ser Asp 775	Gly Leu Asp 780	His Asn Gly Thr Gly Leu Arg 780
	Val 785	Ile Ala Gln	Thr Gln 790	Gln Asp 795	Gly Gly Thr Trp Glu Gln Gly Gly 800
25	Val 805	Glu Gly Lys	Met Arg 805	Gly Ser Thr 810	Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala 815
30	Lys 820	Thr Gly Glu	Asn Thr Thr 820	Ala Ala 825	Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg 830
	Ser 835	Thr Trp Ser	Glu Asn Ser 840	Ala Asn Ala 845	Lys Thr Asp Ser Ile Ser 845
35	Leu 850	Phe Ala Gly	Ile Arg 855	His Asp 860	Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys 860
40	Gly 865	Leu Phe Ser	Tyr Gly 870	Arg Tyr 875	Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr 880
	Gly 885	Ala Asp Glu	His Ala 885	Gln Gly 890	Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln 895
45	Leu 900	Gly Ala Leu	Gly Gly Val 905	Asn Val 910	Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp 915
	Leu 915	Thr Val Glu	Gly Gly Leu 920	Arg Tyr 925	Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala 930
50	Phe 930	Ala Glu Lys	Gly Ser 935	Ala Leu 940	Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr 945
55	Glu 945	Gly Thr Leu	Val Gly 950	Leu Ala 955	Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu 960
	Ser 965	Asp Lys Ala	Val Leu 965	Phe Ala 970	Thr Ala Gly Val Gln Arg Asp Leu 975
60	Asn 980	Gly Arg Asp	Tyr Thr 985	Val Thr 990	Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala 995

ES 2 281 409 T3

	980	985	990
5	Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val 995 1000 1005		
	Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu 1010 1015 1020		
10	Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly 1025 1030 1035 1040		
15	Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Asp Gly Gly Gly Gly Thr Gly 1045 1050 1055		
	Ser Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg 1060 1065 1070		
20	Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg Gly 1075 1080 1085		
	Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser 1090 1095 1100		
25	His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn 1105 1110 1115 1120		
30	Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Glu Val His Ser 1125 1130 1135		
	Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser 1140 1145 1150		
35	Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu 1155 1160 1165		
	His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Pro 1170 1175 1180		
40	Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val 1185 1190 1195 1200		
45	Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asp Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Glu 1205 1210 1215		
	Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly 1220 1225 1230		
50	Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp 1235 1240 1245		
	Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val 1250 1255 1260		
55	Lys Asn Phe Ile Gly Ala Ala Gly Gln Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala 1265 1270 1275 1280		
60	Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu		

ES 2 281 409 T3

		1285		1290		1295										
	Gly	Leu	Leu	Ser	Thr	Glu	Asn	Lys	Met	Ala	Arg	Ile	Asn	Asp	Leu	Ala
			1300					1305					1310			
5		Asp	Met	Ala	Gln	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ala	Ala	Ala	Ile	Arg	Asp	Trp
			1315					1320					1325			
10	Ala	Val	Gln	Asn	Pro	Asn	Ala	Ala	Gln	Gly	Ile	Glu	Ala	Val	Ser	Asn
		1330				1335						1340				
15	Ile	Phe	Met	Ala	Ala	Ile	Pro	Ile	Lys	Gly	Ile	Gly	Ala	Val	Arg	Gly
	1345					1350					1355					1360
20	Lys	Tyr	Gly	Leu	Gly	Gly	Ile	Thr	Ala	His	Pro	Ile	Lys	Arg	Ser	Gln
				1365						1370					1375	
25	Met	Gly	Ala	Ile	Ala	Leu	Pro	Lys	Gly	Lys	Ser	Ala	Val	Ser	Asp	Asn
				1380					1385						1390	
30	Phe	Ala	Asp	Ala	Ala	Tyr	Ala	Lys	Tyr	Pro	Ser	Pro	Tyr	His	Ser	Arg
			1395					1400						1405		
35	Asn	Ile	Arg	Ser	Asn	Leu	Glu	Gln	Arg	Tyr	Gly	Lys	Glu	Asn	Ile	Thr
		1410					1415						1420			
40	Ser	Ser	Thr	Val	Pro	Pro	Ser	Asn	Gly	Lys	Asn	Val	Lys	Leu	Ala	Asp
	1425					1430					1435					1440
45	Gln	Arg	His	Pro	Lys	Thr	Gly	Val	Pro	Phe	Asp	Gly	Lys	Gly	Phe	Pro
				1445						1450					1455	
50	Asn	Phe	Glu	Lys	His	Val	Lys	Tyr	Asp	Thr	Leu	Glu	His	His	His	His
			1460						1465					1470		

40 His His
 <210> 102
 <211> 3939
 <212> ADN
 45 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> deltaG983-741
 50 <400> 102

55	atgacttctg	cgcccgactt	caatgcaggc	ggtaccggta	tcggcagcaa	cagcagagca	60
	acaacagcga	aateagcagc	agtatcttac	gccgggtatca	agaacgaaat	gtgcaaagac	120
	agaagcatgc	tctgtgccgg	tcgggatgac	gttgcgggta	cagacagggga	tgccaaaate	180
	aatgcccccc	cccegaatct	gcataaccga	gactttccaa	acccaaatga	cgcatacaag	240
	aatttgatca	acctcaaac	tgcaattgaa	gcaggctata	caggacgcyg	ggtagaggta	300
60	ggtatcgteg	acacaggcga	atccgctcggc	agcatatcct	ttcccgaact	gtatggcaga	360
	aaagaacacg	gctataacga	aaattcaaaa	aactatacgg	cgtatatcgc	gaaggaagcg	420
	cctgaagscg	gaggcggtaa	agacattgaa	gcttctttcg	acgatgaggc	cgttatagag	480
	actgaagcaa	agccgacgga	tatccgccac	gtaaaagaaa	tcggacacat	cgatttggtc	540
65	tcccatatta	ttggcggggc	ttccgctggc	ggcagacctg	caggcgggtat	tgcgcccgat	600

ES 2 281 409 T3

	gcgacgctac	acataatgaa	tacgaatgat	gaaaccaaga	acgaaatgat	ggttgcagcc	660
	atccgcaatg	catgggtcaa	gctggggcga	cgtggcgctc	gcacgctcaa	taacagtttt	720
	ggaacaacat	cgagggcagg	cactgccgac	cttttccaaa	tagccaattc	ggaggagcag	780
5	taccgccaag	cgttgctcga	ctattccggc	ggtgataaaa	cagacgaggg	tatccgctcg	840
	atgcaacaga	gcgattacgg	caacctgtcc	taccacatcc	gtaataaaaa	catgcttttc	900
	atcttttcga	caggcaatga	cgcacaagct	cagcccaaca	catatgccct	attgccattt	960
	tatgaaaaag	ecgctcaaaa	aggcattatc	acagtcgcag	gcgtagaccg	cagtggagaa	1020
	aagttcaaac	gggaaatgta	tggagaaccg	ggtacagaac	cgcttgagta	tggctccaac	1080
10	cattgcggaa	ttactgccat	gtggtgacct	tccggaccct	atgaagcaag	cgctccgttc	1140
	acccgtacaa	accgattca	gaaatacccg	acatcctttt	ccgcacccat	cgtaaccgge	1200
	ccgctcgctc	tctgtctgca	gaaatacccg	tggatgagca	acgacaacct	gcgtaccacg	1260
	ttgctgacga	cggctcagga	catcggtgca	gtcggcgctg	acagcaagtt	cggctgggga	1320
	ctgctggatg	cgggtaaggc	catgaacgga	cccgcgctcc	ttccgttcgg	cgactttacc	1380
15	gccgatacga	aagggtacatc	cgatattgcc	tactccttcc	gtaacgacat	ttcaggcacc	1440
	ggcggcctga	tcaaaaaagg	cggcagccaa	ctgcaactgc	acggcaacaa	cacctatacc	1500
	ggcaaaaacca	ttatcgaagg	cggttcgcctg	gtgttgtacg	gcaacaacaa	atcgggatag	1560
	cgcgctcga	ccaaagggtc	gctgatttat	aacggggcgg	catccggcgg	cagcctgaac	1620
	agcgacggca	ttgtctatct	ggcagatacc	gaccatccg	gcgcaaacga	aaccgtacac	1680
20	atcaaaaggca	gtctgcagct	ggcaggcaaa	ggtacgctgt	acacacgttt	gggcaaacctg	1740
	ctgaaagtgg	acggtacggc	gattatcggc	ggcaagctgt	acatgtccgg	acgcggcaag	1800
	ggggcaggct	atctcaacag	taccggacga	cgtgttccct	tctgtgagtgc	cgccaaaatc	1860
	ggcagggatt	attctttctt	cacaacatc	gaaaccgacg	ggggcctgct	ggcttccctc	1920
	gagcgcgctc	aaaaaacagg	ggcagtgaa	gycgacacgc	tgtctatta	tgtccgtcgc	1980
25	ggcaatgctg	cacggactgc	ttcggcagcg	ccacatccg	cgcgcgcgg	tctgaaacac	2040
	gccttagaac	agggcggcag	caatctggaa	aacctgatgg	tcaactgga	tgcctccgaa	2100
	tcatecgcaa	cacccgagac	ggttgaaact	gcggcagccg	accgcacaga	latgccgggc	2160
	atccgcctct	acgycgcac	tttccggcga	gcggcagccg	tcagcatgc	gaatgccgcc	2220
	gcaggtgata	ccatcttcaa	cagtcctgcc	gctaccgctc	atgccgacag	taccgcctcc	2280
30	catgctgata	tgcagggaac	ccgctgaaa	gccgtatcgg	acgggttggg	ccacaacggc	2340
	acgggtctgc	ggctcatcgc	gcaaaaccaa	caggacggtg	gaacgtggga	acaggggcgt	2400
	gttgaaggca	aaatgctggg	cagtacccaa	accgtccggc	ttgcgcgca	aaccggcgaa	2460
	aatcagacag	cagccgcacc	actgggcatg	ggacgcagca	catggagcga	aaacagtcca	2520
	aatgcaaaaa	cggacagcat	tgtctctgtt	gcaggcatalc	gycacgatgc	gggcgatatc	2580
35	ggctatctca	aaggcctggt	ctcctacgga	ccctacaaaa	acagcatcag	ccgcagcacc	2640
	ggtgcggacg	aacatccqga	agccagcgtc	aacggcaccg	tgatgcagct	gggcctactg	2700
	ggcgggtgta	acgttccggt	tgcgcgaacg	ggagatttga	cggctgaagg	cggctctggc	2760
	taagacctgc	tcaaacagga	tgcatctgcc	gaaaaagggc	gtgcttlygg	ctggagcggc	2820
	aacagcctca	ctgaaagcac	gctggctggg	ctcgcgggtc	tgaagctgtc	gcaacctctg	2880
	agcgalaaay	cggctctggt	tgcbaacggg	ggcgtggaac	gcacactgaa	cggacgcgac	2940
40	facagcgtba	cggcccgctt	facggcggcg	actgcaccaa	ccggcaagac	gggggacggc	3000
	aatatggcgc	acacccgctt	gggttggcgg	ctgggcggcg	atgctgaatt	cggcaacggc	3060
	tggaaacggt	tggcaagtta	cagctccggc	ggttccaaac	gylacggcaa	ccacagcggg	3120
	cgggtccggc	tggcttaccg	gttccctcag	ggtatccggg	ggggtggctg	cggccgcgac	3180
	atcgggtccgg	ggcttgcgca	tgcactaac	gcaccgctcg	accataaaga	caaaaggttg	3240
45	cagctcttca	cctctgcata	ctccgtcagg	aaaaacuaga	aactgaaact	ggcggcaca	3300
	gggtgcggaaa	aaacttatgg	aaacggctgac	agcctcaata	cgggcaaatc	gaagpacgac	3360
	aaggctcagcc	gttctcgaact	talccgcaca	atggaaagtg	acgggcagct	catlaccttg	3420
	gagagtgag	gyltccaaat	atadnaacaa	agccatcccg	ccctaacccg	cttccagacc	3480
	gagcaaatat	aagatctgga	gcatctccgg	aagatcgttg	cgaaacggca	gttccagaatc	3540
50	gcccaacatg	cgggcaacaa	tacatctttt	gacaaccttc	ccgaaggcgg	caggggcaca	3600
	tatccgggga	gggggttggg	ttcagagcat	ggcggcggaa	aactgacctc	ccccatagat	3660
	ttccgcggca	agcaaggaaa	cggcaaaatc	gaaactttga	zalcgcacga	actcuatgct	3720
	gacctggcgc	cgcctgatct	caagctggat	ggaaactggc	atgccgtcat	cagcggttcc	3780
	gtcctttaa	accaaagcga	gaaaggcagt	tactccctcg	gtatcttlyg	cggaaaagcc	3840
55	caqgaagttg	ccggcggcgc	gaaagtgaaa	accgtlaaac	gcatccgca	tatccgctct	3900
	ggcgcacagg	aaactcagca	ccacacacac	ccaccctga			3939

<210> 103

60 <211> 1312

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

65 <220>

<223> deltaG983-741

ES 2 281 409 T3

<400> 103

5 Met Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly Ile Gly Ser
 1 5 10 15
 Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser Tyr Ala Gly
 20 25 30
 10 Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys Ala Gly Arg
 35 40 45
 Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn Ala Pro Pro
 50 55 60
 15 Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp Ala Tyr Lys
 65 70 75 80
 20 Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr Thr Gly Arg
 85 90 95
 Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val Gly Ser Ile
 100 105 110
 25 Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr Asn Glu Asn
 115 120 125
 Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro Glu Asp Gly
 130 135 140
 30 Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala Val Ile Glu
 145 150 155 160
 35 Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu Ile Gly His
 165 170 175
 Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp Gly Arg
 180 185 190
 40 Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met Asn Thr
 195 200 205
 45 Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg Asn Ala
 210 215 220
 Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn Ser Phe
 225 230 235 240
 50 Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln Ile Ala Asn
 245 250 255

55

60

65

ES 2 281 409 T3

Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly Gly Asp
 260 265 270
 5 Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr Gly Asn
 275 280 285
 Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe Ser Thr
 290 295 300
 10 Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu Pro Phe
 305 310 315 320
 Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly Val Asp
 325 330 335
 15 Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro Gly Thr
 340 345 350
 20 Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala Met Trp
 355 360 365
 Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg Thr Asn
 370 375 380
 25 Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val Thr Gly
 385 390 395 400
 Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn Asp Asn
 405 410 415
 30 Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala Val Gly
 420 425 430
 35 Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys Ala Met
 435 440 445
 Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp Thr Lys
 450 455 460
 40 Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser Gly Thr
 465 470 475 480
 Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu His Gly Asn
 485 490 495
 45 Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Gln Gly Gly Ser Leu Val Leu
 500 505 510
 50 Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr Lys Gly Ala Leu
 515 520 525
 Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser Asp Gly Ile
 530 535 540
 55 Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu Thr Val His
 545 550 555 560
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Ile Lys Gly Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu Tyr Thr Arg
 565 570 575
 5 Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile Gly Gly Lys
 580 585 590
 10 Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu Asn Ser Thr
 595 600 605
 Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly Gln Asp Tyr
 610 615 620
 15 Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu Ala Ser Leu
 625 630 635 640
 Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr Leu Ser Tyr
 645 650 655
 20 Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala Ala Ala His
 660 665 670
 25 Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln Gly Gly Ser Asn
 675 680 685
 Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser Ser Ala Thr
 690 695 700
 30 Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp Met Pro Gly
 705 710 715 720
 35 Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala Ala Val Gln His
 725 730 735
 Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu Ala Ala Thr
 740 745 750
 40 Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Gln Gly Arg Arg
 755 760 765
 Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr Gly Leu Arg
 770 775 780
 45 Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Glu Gln Gly Gly
 785 790 795 800
 Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala
 805 810 815
 50 Lys Thr Gly Glu Asn Phe Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg
 820 825 830
 55 Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser Ile Ser
 835 840 845
 60 Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys
 850 855 860

65

ES 2 281 409 T3

5 Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr
 865 870 875 880
 Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln
 885 890 895
 10 Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp
 900 905 910
 Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala
 915 920 925
 15 Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr
 930 935 940
 Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu
 945 950 955 960
 20 Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu Arg Asp Leu
 965 970 975
 25 Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala
 980 985 990
 Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val
 995 1000 1005
 30 Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu
 1010 1015 1020
 35 Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly
 1025 1030 1035 1040
 Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Glu Gly Ser Gly Gly Gly Gly
 1045 1050 1055
 40 Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala Pro
 1060 1065 1070
 Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp Gln Ser
 1075 1080 1085
 45 Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu Lys
 1090 1095 1100
 50 Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn Asp
 1105 1110 1115 1120
 Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly Glu
 1125 1130 1135
 55 Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser His
 1140 1145 1150
 60 Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu His
 1155 1160 1165
 65

ES 2 281 409 T3

5 Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile Ala
 1170 1175 1180

10 Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Glu Gly Gly Arg Ala Thr
 1185 1190 1195 1200

15 Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu Thr
 1205 1210 1215

20 Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Glu His
 1220 1225 1230

25 Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile Lys
 1235 1240 1245

30 Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr Asn
 1250 1255 1260

35 Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys Ala
 1265 1270 1275 1280

40 Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile Arg
 1285 1290 1295

45 His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu His His His His His His
 1300 1305 1310

<210> 104

<211> 4344

35 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

40 <223> deltaG983-961

<400> 104

45 atgacttctg cgccccgactt caatgcaggc ggtaccggta tcggcagcaa cagcagagca 60
 acaacagcga aatcagcagc agtatcttac gccggatatca agaacgaaat gtgcaaagac 120
 agaagcatgc tctgtgccgg tcgggatgac gttgccggtta cagacagggg tgccaaaatc 180
 aatgcccccc ccccgaaatct gcataccgga gactttccaa acccaaatga cgcatacaag 240
 aatttgatca acctcaaac tgcaattgaa gcaggctata caggacgcgg ggtagaggta 300
 ggtatcgtcg acacaggcga atccgtcggc agcatatcct ttcccgaact gtatggcaga 360
 50 aaagaacacg gctataacga aaattacaaa aactatacgg cgtatatgcg gaaggaagcg 420
 cctgaagacg gaggcggtaa agacattgaa gcttctttcg acgatgaggc cgttatagag 480
 actgaagcaa agccgacgga tatccgccac gtaaaagaaa tcggacacat cgatttggtc 540
 tcccatatta ttggcggggc ttccgtggac ggcagacctg caggcgggat tgcgcccgat 600
 gcgacgctac acataatgaa tacgaatgat gaaaccaaga acgaaatgat ggttcagacc 660
 55 atccgcaatg catgggtcaa gctgggcgaa cgtggcgtgc gcatcgtcaa taacagtttt 720
 ggaacaacat cgagggcagg cactgccgac cttttccaaa tagccaattc ggaggagcag 780
 taccgccaaag cgttgctcga ctattccggc ggtgataaaa cagacgaggg tatccgcctg 840
 atgcaacaga gcgattacgg caacctgtcc taccacatcc gtaataaaaa catgcttttc 900
 atcttttcga caggcaatga cgcacaagct cagcccaaca catatgccct attgccattt 960
 60 tatgaaaaag acgctcaaaa aggcattatc acagtcgcag gcgtagaccg cagtggagaa 1020
 aagttcaaac gggaaatgta tggagaaccg ggtacagaac cgcttgagta tggctccaac 1080
 cattgcggaa ttactgccat gtcggtgcctg tcggcaccct atgaagcaag cgtccgtttc 1140
 acccgtacaa acccgattca aattgcggga acatcctttt ccgcaccat cgtaacgggc 1200

65

ES 2 281 409 T3

	acggcggctc	tgctgctgca	gaataaccg	tggatgagca	acgacaacct	gcgtaccacg	1260
	ttgctgacga	cggtcagga	catcggtgca	gtcggcgtgg	acagcaagtt	cggtgggga	1320
	ctgctggatg	cggtgaagge	catgaacgga	cccgcgtcct	ttccgttcgg	cgactttacc	1380
5	gcccatacga	aaggtaacatc	cyatattgcc	tactccttcc	gtaacgacat	ttcaggcacc	1440
	ggcggcctga	tcaaaaaagg	cggcagccaa	ctgcaactgc	acggcaacaa	cacctatacg	1500
	ggcaaaacca	ttatcgaagg	cggttcgctg	gtggtgtacg	gcaacaacaa	atcggatag	1560
	cgcgtcgaaa	ccaaaggtgc	gctgatttat	aacggggcgg	catccggcgg	cagcctgaac	1620
	agcgacggca	ttgtctatct	ggcagatacc	gaccaatccg	gcgcaaacga	aaccgtacac	1680
10	atcaaaagga	gtctgcagct	ggacggcaaa	ggtacgctgt	acacacgttt	gggcaaacgt	1740
	ctgaaagtgg	acggtacggc	gattatcggc	ggcaagctgt	acatgtcggc	acggggcaag	1800
	ggggcaggct	atctcaacag	taccggacga	cgtgttccct	tcctgagtgc	cgccaaaatc	1860
	gggcaggatt	attcttttct	cacaaacatc	gaaaccgacg	gcgccctgct	ggcttccctc	1920
	gacagcgtcg	aaaaaacagc	gggcagtgaa	ggcgacacgc	tgctctatta	tgcccgctgc	1980
15	ggcaatgctg	cacggactgc	ttcggcagcg	gcacatccg	cgcccgcgg	tcgaaacac	2040
	gccgtagaac	agggcggcag	caatctggaa	aacctgatgg	tcgaactgga	tgccctcgaa	2100
	tcacccgcaa	caccgcgac	ggttgaaact	gcggcagccg	accgcacaga	tatgcccggc	2160
	atccgcccct	acggcgcaac	ttccgcgca	gcggcagccg	tacagcatgc	gaatgccgcc	2220
	gacgggtgtac	gcattctcaa	cagtctcggc	gtaccgctct	atgccgacag	taccgcccgc	2280
20	catgccgata	tcaggggacg	ccgctgaaa	gccgtatcgg	acgggttgga	ccacaacggc	2340
	acgggtctgc	gcgtcatcgc	gcaaacccaa	caggacggtg	gaacgtggga	acagggcggc	2400
	gttgaaggca	aatgcgcgg	cagtacccaa	accgtcggca	ttgccgcgaa	aaccggcgaa	2460
	aatacgaacg	cagccgcac	actgggcag	ggacgcagca	catggagcga	aaacagtgca	2520
25	aatgcaaaa	acacagcat	tagtctgttt	gcaggctac	ggcagcatgc	gggcgatac	2580
	ggctatctca	aaggcctgtt	ctcctacgga	cgtacaaaa	acagcatcag	ccgcagcacc	2640
	ggtgcggacg	aacatgcgga	aggcagcgtc	aacggcacgc	tgatgcagct	gggcgactc	2700
	ggcgggtgtca	acgttccgtt	tgccgcaacg	ggagatttga	cggtcgaagg	cggtctggcc	2760
	tacgacctgc	tcaaacagga	tgcatccgcc	gaaaaaggca	gtgctttggg	ctggagcggc	2820
30	aacagcctca	ctgaaggcac	gctggtcggg	ctcgcgggtc	tgaagctgtc	gcaacccttg	2880
	agcgataaag	ccgtcctgtt	tgcaacggcg	ggcgtggaa	ggcactgaa	cggaacggac	2940
	tacarggtaa	acgggggctt	taccggcggc	actgcagcaa	ccggcaagac	gggggcaegc	3000
	aatgcacggc	acaccgctct	ggttgcgggc	ctgggcgggc	atgtcgaatt	cggcacgggc	3060
	lygaaacggct	tygcacgtta	cagctacggc	ggtlccaaac	agtacggcaa	ccacagcggg	3120
35	cgagtggcg	taggetaccg	gttccctcag	ggtggcggag	gcactggatc	cgccacaaac	3180
	gacgacgatg	tlaaaaaagc	tgccactgtg	gcrattgctg	ctgectacaa	caatggccaa	3240
	gaaatcaacg	gtttcaaaagc	tggagayacc	atctacgaca	ttgntgaaga	cggcacaaat	3300
	accnaaaaag	acgcaactgc	agccgatgtt	gaagccgacg	actttaaagg	cttyggctctg	3360
40	aaaaaagtcg	tgactaacct	gaccaaaacc	gtcaatgaaa	acaaacaaaa	cgtccatgcr	3420
	aaagtlaaag	ctgtagaafc	lgaatagaa	aagtlacaa	ccaagttagc	agaaactgat	3480
	gcgcctttag	cagatactga	tgccgctctg	galgcaccca	ccaacgctt	gaatlaaattg	3540
	ggagabaata	taacgacatt	tgctgaagag	achaaagaca	atctcgtcaa	aatlgatcaa	3600
	aaattagaag	ccgtgcttga	taccgtcgac	aagcaatccg	aagcaatcaa	cgatctcgcc	3660
45	gattcaatgg	atgaaaccaa	cactaaagga	gucgaagccg	tcaaaaccgc	caatgaagcc	3720
	caacajacgy	ccgaagaaac	caaacnaaac	gtcgtctgcca	aagtaaaagc	tgcaagaaact	3780
	gcagcagga	aagccgaagc	tgccgctggc	acagcttaata	ctgcagccga	caagcccgaa	3840
	gcgtctcctg	caaaagtta	cqnaatcaaa	gclgatctcg	cthaagaaac	agataaatac	3900
	gchaaaaaag	caaacagtcg	cgacgtqtac	accagagaag	agttctgacg	caaatllgtc	3960
50	agaattgatg	gltcgaacgc	taclaccgaa	naattggaca	caagcttggc	ttctgctgaa	4020
	aaalccatbg	ccgatcacga	tactggcctg	aacggtttgg	ataaaacagt	ctcaaacctg	4080
	cgcaaaagaa	ccggccaaag	acttgcagaa	caagccgggc	ctctccgtct	gttccaaact	4140
	tacaacgtgg	gtcggltcaa	tgtaacggct	gcagtcggcg	gctacaaatc	cgaaatggca	4200
	gtcgcacatg	gtaccggctt	ccgcttacc	gaaaactttg	ccgcnaagc	aggcctggca	4260
55	gtcgcacact	cgtccqhtc	ttccgcaccc	taccatqtcg	gcgtcaatla	cgagtggctc	4320
	gagcaaccac	accaccacaa	ctga				4344

<210> 105

60 <211> 1447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

65 <220>

<223> deltaG983-961

ES 2 281 409 T3

<400> 105

5 Met Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly Ile Gly Ser
1 5 10 15

Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser Tyr Ala Gly
20 25 30

10 Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys Ala Gly Arg
35 40 45

Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn Ala Pro Pro
50 55 60

15 Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp Ala Tyr Lys
65 70 75 80

20 Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr Thr Gly Arg
85 90 95

Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val Gly Ser Ile
100 105 110

25 Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr Asn Glu Asn
115 120 125

30 Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro Glu Asp Gly
130 135 140

Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala Val Ile Glu
145 150 155 160

35 Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu Ile Gly His
165 170 175

40 Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp Gly Arg
180 185 190

Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met Asn Thr
195 200 205

45 Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg Asn Ala
210 215 220

50 Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn Ser Phe
225 230 235 240

Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Glu Ile Ala Asn
245 250 255

55 Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly Gly Asp
260 265 270

60

65

ES 2 281 409 T3

Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr Gly Asn
 275 280 285
 5
 Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe Ser Thr
 290 295 300
 Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu Pro Phe
 10 305 310 315 320
 Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly Val Asp
 325 330 335
 15
 Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro Gly Thr
 340 345 350
 Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala Met Trp
 355 360 365
 20
 Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg Thr Asn
 370 375 380
 Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val Thr Gly
 25 385 390 395 400
 Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn Asp Asn
 405 410 415
 30
 Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala Val Gly
 420 425 430
 Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys Ala Met
 435 440 445
 35
 Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp Thr Lys
 450 455 460
 Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser Gly Thr
 40 465 470 475 480
 Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Glu Leu His Gly Asn
 485 490 495
 45
 Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu
 500 505 510
 Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr Lys Gly Ala Leu
 515 520 525
 50
 Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser Asp Gly Ile
 530 535 540
 Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu Thr Val His
 545 550 555 560
 55
 Ile Lys Gly Ser Leu Glu Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu Tyr Thr Arg
 565 570 575
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile Gly Gly Lys
 580 585 590
 5 Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu Asn Ser Thr
 595 600 605
 Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly Gln Asp Tyr
 610 615 620
 10 Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu Ala Ser Leu
 625 630 635 640
 15 Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr Leu Ser Tyr
 645 650 655
 Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala Ala Ala His
 660 665 670
 20 Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln Gly Gly Ser Asn
 675 680 685
 25 Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser Ser Ala Thr
 690 695 700
 Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp Met Pro Gly
 705 710 715 720
 30 Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala Val Gln His
 725 730 735
 Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu Ala Ala Thr
 740 745 750
 35 Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Gln Gly Arg Arg
 755 760 765
 40 Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr Gly Leu Arg
 770 775 780
 Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Gln Gln Gly Gly
 785 790 795 800
 45 Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala
 805 810 815
 Lys Thr Gly Glu Asa Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg
 820 825 830
 50 Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser Ile Ser
 835 840 845
 55 Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys
 850 855 860
 Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr
 865 870 875 880 885 890

ES 2 281 409 T3

Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln
 885 890 895
 5 Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp
 900 905 910
 10 Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala
 915 920 925
 Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr
 930 935 940
 15 Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu
 945 950 955 960
 20 Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu Arg Asp Leu
 965 970 975
 Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala
 980 985 990
 25 Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val
 995 1000 1005
 Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Gln Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu
 1010 1015 1020
 30 Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly
 1025 1030 1035 1040
 35 Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Glu Gly Gly Gly Gly Thr Gly
 1045 1050 1055
 Ser Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
 1060 1065 1070
 40 Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Phe Asn Gly Phe Lys Ala Gly
 1075 1080 1085
 Glu Thr Ile Tyr Asp Phe Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
 1090 1095 1100
 Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
 1105 1110 1115 1120
 50 Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
 1125 1130 1135
 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
 1140 1145 1150
 55 Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
 1155 1160 1165
 60 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
 1170 1175 1180
 65

ES 2 281 409 T3

Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 1185 1190 1195 1200
 5 Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 1205 1210 1215
 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 10 1220 1225 1230
 Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 1235 1240 1245
 15 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 1250 1255 1260
 Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 20 1265 1270 1275 1280
 Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 1285 1290 1295
 25 Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 1300 1305 1310
 Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 30 1315 1320 1325
 Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 1330 1335 1340
 35 Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu
 1345 1350 1355 1360
 Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly
 40 1365 1370 1375
 Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val
 1380 1385 1390
 45 Gly Gly Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg
 1395 1400 1405
 Phe Thr Glu Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser
 50 1410 1415 1420
 Ser Gly Ser Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp Leu
 1425 1430 1435 1440
 55 Glu His His His His His His
 1445

<210> 106

<211> 4179

60 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

65 <223> deltaG983-961c

ES 2 281 409 T3

<400> 106

	atgacttctg	cgccccgactt	caatgcaggc	ggtaccggta	tcggcagcaa	cagcagagca	60
	acaacagcga	aatcagcagc	agtatcttac	gccggatca	agaacgaaat	gtgcaaagac	120
5	agaagcatgc	tctgtgccgg	tcgggatgac	gttgccggtta	cagacagga	tgccaaaatc	180
	aatgcccccc	ccccaaatct	gcataccgga	gactttccaa	acccaaatga	cgcatacaag	240
	aatttgatca	acctcaaac	tgcaattgaa	gcaggctata	caggacgcgg	ggtagggta	300
	ggtatcgtcg	acacaggcga	atccgtcggc	agcatatcct	tccccgaact	gtatggcaga	360
	aaagaacacg	gctataacga	aaattacaaa	aactatacgg	cgtatatgcg	gaaggaagcg	420
10	cctgaagacg	gaggcggtaa	agacattgaa	gcttctttcg	acgatgaggc	cgttatagag	480
	actgaagcaa	agccgacgga	tatccgccac	gtaaaagaaa	tcggacacat	cgatttggtc	540
	tcccatatta	ttggcggggc	ttccgtggac	ggcagacctg	caggcgggat	tgcccccgat	600
	gcgacgctac	acataatgaa	tacgaatgat	gaaaccaaga	acgaaatgat	ggttgcagcc	660
	atccgcaatg	catgggtcaa	gctgggcgaa	cgtggcgtgc	gcatacgtcaa	taacagtttt	720
15	ggaacaacat	cgagggcagg	cactgccgac	cttttccaaa	tagccaatcc	ggaggagcag	780
	taccgccaa	cgttgcctga	ctattccggc	ggtgataaaa	cagacgaggg	tatccgcctg	840
	atgcaacaga	gcgattacgg	caacctgtcc	taccacatcc	gtaataaaaa	catgcttttc	900
	atcttttcga	caggcaatga	cgcacaagct	cagccccaca	catatgccct	attgccattt	960
20	tatgaaaag	acgctcaaaa	aggcattatc	acagtcgcag	gcgtagaccg	cagtggagaa	1020
	aagttcaaac	gggaaatgta	tggagaaccg	ggtacagaac	cgcttgagta	tggctccaac	1080
	nattgcggaa	ttactgccat	gtggtgcctg	tcggcaccct	atgaagcaag	cgctccgtttc	1140
	accctgacaa	acccgattca	aattgccggg	acatcctttt	ccgcaccat	cgtaaccggc	1200
	acggcggctc	tgctgctgca	gaaatacccg	tggatgagca	acgacaacct	gcgtaccacg	1260
25	ttgctgacga	cggctcagga	catcgglgca	gtcggcgtgg	acagcaagtt	cggctgggga	1320
	ctgctgcatg	cggttaaggc	catgaacgga	cccgctcct	ttccgttcgg	cgactttacc	1380
	gcccatacga	aaggtacatc	cgatattgcc	tactccttcc	gtaacgacat	ttcaggcacg	1440
	ggcggcctga	tcaaaaaagg	cggcagccaa	ctgcaactgc	acggcaacaa	cacctatacc	1500
	ggcaaaacca	ttatccgaagg	cggctccgctg	gtgttgtaac	gcaacaacaa	atccgatatg	1560
30	cgcgtcgaaa	ccaaaggtgc	gctgatattat	aacggggcgg	catccggcgg	cagcctgaac	1620
	aggcagcggca	ttgtctatct	ggcagatacc	gaccaatccg	ggcnaaacga	aaccgtacac	1680
	atcaaaaggca	gtctgcagct	ggacggcaaa	ggtacgctgt	acacacgttt	gggcaaacctg	1740
	ctgaaagtgg	acggtaacggc	gatlatcggc	ggcaagrtgt	acatgtcggc	acggcgaag	1800
	ggggcaggct	atctcaacag	taccggacga	cgtgttccct	tcttgagtgc	cgcctaacac	1860
35	ggcagagant	attctttctt	cacaaacalc	gaaaccgacg	ggggcctget	ggcttccctc	1920
	gacacgcctc	aaaaaacagc	gggcagtgaa	ggcgacacgc	tgctctatta	tgctccgtgc	1980
	ggcaatggcg	cacggactgc	ttccggcagcg	gcacatcccg	cgcccgccgg	tctgaaacac	2040
	gcccgtagaac	agggcggcaq	caatctggaa	aacctgatgg	togaactcga	tgcctccgaa	2100
40	tcatccgcga	caccgcagac	ggttgaacct	gggcagcccg	acgcacagga	tatgcggggc	2160
	atccgccctc	acggcgcaac	ttcccgcgca	gcygcagccg	tacagatgc	gnaatgcgcc	2220
	gacggltgtac	gcctcttcaa	cagctctcgcc	gttaccctct	atgcggacag	taccgcggcc	2280
	catccggata	tgcagggaac	ccgctgaaa	cccttatcgg	acgggttcca	ccacaacggc	2340
	acccgtctgc	ccgtcatcgc	gaaaccacaa	caggacgggtg	gaacatggga	acaggcgggt	2400
45	gttgaaggca	aaatgucggg	caytaaccaa	accgtcgcca	ttgcggcgaa	aaccggcgaa	2460
	aalacagacg	cagccggccac	actgggcgatg	ggacgcagca	catggagcga	aaacagtcca	2520
	aalgcnaaaa	ccgacagcat	tgtctgtttt	ccagggcatac	gcccagatgc	gggcgatatac	2580
	ggtatctctca	aaggcctggt	ctcttacgga	ggctacaaaa	acagcatcaq	cccgaccacc	2640
	gylggggagc	aacatggcga	aggcagcgtc	aaccggcacc	tgatgcagct	gggcgcaatg	2700
50	ggccgtgtca	acgttccctt	tgcggcaacg	ggagatttga	cgttcgaagg	cggctctgccc	2760
	lacgaacctg	tcaaacagga	tgcattcgcc	gaaaaggcca	gtgctttggg	ctggagcgcc	2820
	aacagcctca	ctgaaggcaac	gclggtcgga	ctcncgggtc	tgaagctgtc	gcaacccttg	2880
	agcganaaag	ccgtctctgtt	tgaaacggcg	ggcgtggaaac	ggacctgaa	gggacccgac	2940
	lacagggtaa	cggycggctt	taccggcgcg	actgcagcaa	ccggcaagac	gggggcacgc	3000
55	aatatgcctc	acacccglet	ggttgcgggc	ctggggcgcg	atgtcgaatt	cggcaacggc	3060
	tggaaaggct	tgcacaglla	cagctacgcc	ggttccaaac	agtccggcaa	ccacagcgga	3120
	cgagtcgncg	laggctaacg	gltccctcag	ggttggggag	gcactgqalc	ccccacaaac	3180
	gacgaagatg	ttaaaaaagc	tgcacatgtg	gcaattgctg	ctgcttacha	caatggccca	3240

60

65

ES 2 281 409 T3

5 gaaatcaacg gtttcaaacg tggagagacc atctacgaca ttgatgaaga cggcacaatt 3300
 accaaaaaag acgcaactgc agccgatgtt gaagccgacg actttaagg tctgggtctg 3360
 aaaaaagtctg tgactaacct gacaaaaacc gtcaatgaaa acaaacaaaa cgtegatgcc 3420
 aaagtaaaaag ctgcagaatc tgaatatagaa aagttaacaa ccaagttage agacactgat 3480
 gccgcttttag cagatactga tgcgcgtctg gatgcaacca ccaacgcctt gaataaattg 3540
 ggagaaaata taacgacatt tyctgaagag actaagacaa atatcgtaaa aattgatgaa 3600
 aaattagaag ccgtggctga taccgtcgac aagcatgccg aagcattcaa cgatategcc 3660
 gattcattgg atgaaaccaa cactaaggca gacgaagccg tcaaaaaccgc caatgaagcc 3720
 10 aacagacggg ccgaagaaac caaacaaaac gtcgatgcca aagtaaaagc tgcagaaact 3780
 gcagcagycg aagccgaagc tgcctctggc acagctaata ctgcagccga caaggccgaa 3840
 gctgtcgtctg caaaagttac cgacatcaaa gctgatatcg ctacgaacaa agataatatt 3900
 gctaaaaaag caaacagtgc cgacgtgtac accagagaag agtctgacag caaatttgct 3960
 agaattgatg gtctgaacgc tactaccgaa aatctggaca cacgcttggc ttctgctgaa 4020
 15 aaatccattg ccgatcacga tactgcctg aacggtttgg ataaaacagt gtcagacctg 4080
 cgcaaagaaa cccgccaaag ccttcagaaa caagccgcgc tctccggtct gttccaacct 4140
 tacaacgtgg gtctcgagca ccaccaccac caccactga 4179

<210> 107
 20 <211> 1392
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 25 <220>
 <223> deltaG983-961c
 30 <400> 107

1	Met	Thr	Ser	Ala	Pro	Asp	Phe	Asn	Ala	Gly	Gly	Thr	Gly	Ile	Gly	Ser
					5					10					15	
35	Asn	Ser	Arg	Ala	Thr	Thr	Ala	Lys	Ser	Ala	Ala	Val	Ser	Tyr	Ala	Gly
				20					25					30		
40	Ile	Lys	Asn	Glu	Met	Cys	Lys	Asp	Arg	Ser	Met	Leu	Cys	Ala	Gly	Arg
			35					40					45			
45	Asp	Asp	Val	Ala	Val	Thr	Asp	Arg	Asp	Ala	Lys	Ile	Asn	Ala	Pro	Pro
			50				55					60				
50	Pro	Asn	Leu	His	Thr	Gly	Asp	Phe	Pro	Asn	Pro	Asn	Asp	Ala	Tyr	Lys
	65					70					75				80	
55	Asn	Leu	Ile	Asn	Leu	Lys	Pro	Ala	Ile	Glu	Ala	Gly	Tyr	Thr	Gly	Arg
				85						90					95	
60	Gly	Val	Glu	Val	Gly	Ile	Val	Asp	Thr	Gly	Glu	Ser	Val	Gly	Ser	Ile
				100				105						110		
65	Ser	Phe	Pro	Glu	Leu	Tyr	Gly	Arg	Lys	Glu	His	Gly	Tyr	Asn	Glu	Asn
			115					120					125			
70	Tyr	Lys	Asn	Tyr	Thr	Ala	Tyr	Met	Arg	Lys	Glu	Ala	Pro	Glu	Asp	Gly
		130					135					140				
75	Gly	Gly	Lys	Asp	Ile	Glu	Ala	Ser	Phe	Asp	Asp	Glu	Ala	Val	Ile	Glu
					150						155					160
80	Thr	Glu	Ala	Lys	Pro	Thr	Asp	Ile	Arg	His	Val	Lys	Glu	Ile	Gly	His

ES 2 281 409 T3

	165	170	175
5	Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp Gly Arg 180 185 190		
	Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met Asn Thr 195 200 205		
10	Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg Asn Ala 210 215 220		
15	Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn Ser Phe 225 230 235 240		
	Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln Ile Ala Asn 245 250 255		
20	Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly Gly Asp 260 265 270		
25	Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr Gly Asn 275 280 285		
	Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe Ser Thr 290 295 300		
30	Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu Pro Phe 305 310 315 320		
	Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly Val Asp 325 330 335		
35	Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro Gly Thr 340 345 350		
40	Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala Met Trp 355 360 365		
	Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg Thr Asn 370 375 380		
45	Phe Ile Gln His Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val Thr Gly 385 390 395 400		
50	Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn Asp Asn 405 410 415		
	Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala Val Gly 420 425 430		
55	Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys Ala Met 435 440 445		
	Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp Thr Lys 450 455 460		
60	Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser Gly Thr		

65

ES 2 281 409 T3

	465				470					475					480	
5	Gly	Gly	Leu	Ile	Lys	Lys	Gly	Gly	Ser	Gln	Leu	Gln	Leu	His	Gly	Asn
					485					490					495	
	Asn	Thr	Tyr	Thr	Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Glu	Gly	Gly	Ser	Leu	Val	Leu
				500					505					510		
10	Tyr	Gly	Asn	Asn	Lys	Ser	Asp	Met	Arg	Val	Glu	Thr	Lys	Gly	Ala	Leu
			515					520					525			
	Ile	Tyr	Asn	Gly	Ala	Ala	Ser	Gly	Gly	Ser	Leu	Asn	Ser	Asp	Gly	Ile
	530						535					540				
15	Val	Tyr	Leu	Ala	Asp	Thr	Asp	Gln	Ser	Gly	Ala	Asn	Glu	Thr	Val	His
	545					550					555					560
	Ile	Lys	Gly	Ser	Leu	Gln	Leu	Asp	Gly	Lys	Gly	Thr	Leu	Tyr	Thr	Arg
20					565					570						575
	Leu	Gly	Lys	Leu	Leu	Lys	Val	Asp	Gly	Thr	Ala	Ile	Ile	Gly	Gly	Lys
				580					585					590		
25	Leu	Tyr	Met	Ser	Ala	Arg	Gly	Lys	Gly	Ala	Gly	Tyr	Leu	Asn	Ser	Thr
			595					600					605			
	Gly	Arg	Arg	Val	Pro	Phe	Leu	Ser	Ala	Ala	Lys	Ile	Gly	Gln	Asp	Tyr
	610						615					620				
30	Ser	Phe	Phe	Thr	Asn	Ile	Gln	Thr	Asp	Gly	Gly	Leu	Leu	Ala	Ser	Leu
	625				630						635					640
	Asp	Ser	Val	Glu	Lys	Thr	Ala	Gly	Ser	Glu	Gly	Asp	Thr	Leu	Ser	Tyr
35					645					650					655	
	Tyr	Val	Arg	Arg	Gly	Asn	Ala	Ala	Arg	Thr	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	His
				660					665					670		
40	Ser	Ala	Pro	Ala	Gly	Leu	Lys	His	Ala	Val	Glu	Gln	Gly	Gly	Ser	Asn
			675					680					685			
	Leu	Glu	Asn	Leu	Met	Val	Glu	Leu	Asp	Ala	Ser	Glu	Ser	Ser	Ala	Thr
	690						695					700				
45	Pro	Gly	Thr	Val	Glu	Thr	Ala	Ala	Ala	Asp	Arg	Thr	Asp	Met	Pro	Gly
	705					710					715				720	
	Ile	Arg	Pro	Tyr	Gly	Ala	Thr	Phe	Arg	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Gln	His
				725					730						735	
50	Ala	Asn	Ala	Ala	Asp	Gly	Val	Arg	Ile	Phe	Asn	Ser	Leu	Ala	Ala	Thr
				740					745					750		
55	Val	Tyr	Ala	Asp	Ser	Thr	Ala	Ala	His	Ala	Asp	Met	Gln	Gly	Arg	Arg
			755					760					765			
	Leu	Lys	Ala	Val	Ser	Asp	Gly	Leu	Asp	His	Asn	Gly	Thr	Gly	Leu	Arg

60

65

ES 2 281 409 T3

	770	775	780
5	Val Ile Ala Gln Thr 785	Gln Gln Asp Gly Gly 790	Thr Trp Glu Gln Gly Gly 795 800
	Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr 805	Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala 810 815	
10	Lys Thr Gly Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg 820 825 830		
	Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser Ile Ser 835 840 845		
15	Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys 850 855 860		
20	Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr 865 870 875 880		
	Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln 885 890 895		
25	Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp 900 905 910		
	Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala 915 920 925		
30	Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr 930 935 940		
35	Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu 945 950 955 960		
	Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu Arg Asp Leu 965 970 975		
40	Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala 980 985 990		
	Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val 995 1000 1005		
45	Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu 1010 1015 1020		
50	Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly 1025 1030 1035 1040		
	Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Glu Gly Gly Gly Gly Thr Gly 1045 1050 1055		
55	Ser Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile 1060 1065 1070		
60	Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly		

ES 2 281 409 T3

	1075	1080	1085
5	Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp 1090	1095	1100
	Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu 1105	1110	1115 1120
10	Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln 1125	1130	1135
	Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu 1140	1145	1150
15	Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala 1155	1160	1165
	Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile 1170	1175	1180
20	Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu 1185	1190	1195 1200
	Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe 1205	1210	1215
25	Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu 1220	1225	1230
	Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys 1235	1240	1245
	Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys 1250	1255	1260
35	Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu 1265	1270	1275 1280
	Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn 1285	1290	1295
	Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg 1300	1305	1310
45	Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr 1315	1320	1325
	Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala 1330	1335	1340
50	Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu 1345	1350	1355 1360
	Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly 1365	1370	1375
55	Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Leu Glu His His His His His His 1380	1385	1390

<210> 108

<211> 1947

65 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> deltaG741-961

5 <400> 108

```

atggtcgccc ccgacatcgg tgcggggcct gccgatgcac taaccgcacc gctcgaccat 60
aaagacaaaag gtttgcagtc tttgacgctg gatcagtcgg tcaggaaaaa cgagaaaactg 120
aagctggcgg cacaaaggtg ggaaaaaact tatggaaaacg gtgacagcct caatacgggc 180
aaattgaaga acgacaaggt cagccgtttc gaetttatcc gccaaatcga agtygacggg 240
cagctcatta ccttggagag tggagagttc caagtataca aacaaagcca ttcgcctta 300
accgcctttc agaccgagca aatacaagat tcggagcatt ccgggaagat ggttgcgaaa 360
cgccagtcca gaatcggcga catagcgggc gaacatacat cttttgacaa gcttcccgaa 420
ggcggcaggg cgacatatcg cgggacggcg ttcggttcag acgatgccgg cggaaaaactg 480
acctacacca tagatttcgc cgccaagcag ggaacggca aaatcgaaca tttgaaatcg 540
ccagaactca atgtcgacct ggccgccgcc gatatacaagc cggatggaaa acgccatgcc 600
gtcatcagcg gttccgctct ttacaaccaa ccgagaaaag gcagttactc cctcggatc 660
tttggcggaa aagcccagga agttgccggc agcgcggaag tgaaaaccgt aaaccgcata 720
cgccatatac gccttgcgcg caagcaactc gaggytggcg gaggcactgg atccgccaca 780
aacgacgacg atgttaaaaa agctgccact gtggccattg ctgctgcta caacaatggc 840
caagaatca acggtttcaa agctggagay accatctacg acattgatga agacggraca 900
attaccaaaa aagacgcaac tgcagccgat gttgaagccg acgactttaa aggtctgggt 960
ctgaaaaaag tcgtgactaa cctgaccaaa accgtcaatg aaaacaaaca aaacgtcgat 1020
gccaagttaa aagctgcaga atctgaataa gaaaagttaa caaccaagtl agcagacact 1080
gatgcccgtt tagcagatac tgatgcccct ctggatgcaa ccaccaacgc cttgataaaa 1140
ttggagaaaa atataacgac atttctgtaa gagactaaga caaatatcgt aaaaattgat 1200
gaaaaattag aagccgtggc tgataccgtc gacaagcatg ccgaagcatt caacgatata 1260
gcgaltcat tggatgaaac caacaclaag gcagacggaag ccgtcaaac ccgcaatgaa 1320
gccaacagaa cggccgagaa aacaaacaa aacgtcgatg ccaaagttaa cgtgcagaa 1380
actgcagcag gcaaaagccga agctgcccct ggcacagcta atactgcagc cgcacaagcc 1440
gaagctgtcg ctgcaaaaag taccgacatc aaagctgata tcgctacgaa caaagataat 1500
attgctaaaa aagcaaacag tgcagcgtg tacaccagag aagngtctga ccgcaaatct 1560
gtcagaattg atggtctgaa cgtactacc gaaaaattgg acacacgctt ggtctctgct 1620
gaaaaatcca ttgcccatac cgatactcgc ctgaacgggt tggatanaac agtgtcagac 1680
ctgcgcaaaag aaaccgcga aggccttgea gaacaagccg cgtctccggg tctgttccaa 1740
ccttacaacg tgggtcgggt caatgtaacg gctgcagtcg gggctacaa atccgaatcg 1800
gcagtcgcca tcggtaaccg ctcccgctt accgaaaact ttgccgcaa agcagggctg 1860
gcagtcgcca ctccgtccgg ttcttccgca gcctaccatg tcggcgtcaa ttacgagtg 1920
ctcgagcacc accaccacca ccaactga

```

<210> 109

45 <211> 648

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

50 <220>

<223> deltaG741-961

<400> 109

```

55 Met Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala
   1                               5                               10                               15

```

60

65

ES 2 281 409 T3

Pro Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Gln Ser Leu Thr Leu Asp Gln
 20 25 30
 5 Ser Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu
 35 40 45
 10 Lys Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn
 50 55 60
 15 Asp Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly
 65 70 75 80
 20 Gln Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser
 85 90 95
 25 His Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu
 100 105 110
 30 His Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile
 115 120 125
 35 Ala Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Glu Gly Gly Arg Ala
 130 135 140
 40 Thr Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu
 145 150 155 160
 45 Thr Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Glu
 165 170 175
 50 His Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile
 180 185 190
 55 Lys Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr
 195 200 205
 60 Asn Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys
 210 215 220
 65 Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile
 225 230 235 240
 70 Arg His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu Gly Gly Gly Thr
 245 250 255
 75 Gly Ser Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala
 260 265 270
 80 Ile Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala
 275 280 285
 85 Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys
 290 295 300
 90 Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly
 305 310 315 320

ES 2 281 409 T3

Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys
 325 330 335
 5
 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys
 340 345 350
 10
 Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp
 355 360 365
 Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn
 370 375 380
 15
 Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp
 385 390 395 400
 20
 Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala
 405 410 415
 Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp
 420 425 430
 25
 Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr
 435 440 445
 Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly
 450 455 460
 30
 Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala
 465 470 475 480
 35
 Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr
 485 490 495
 Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr
 500 505 510
 40
 Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala
 515 520 525
 Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile
 530 535 540
 45
 Ala Asp His Asp Thr Arg Leu Asp Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp
 545 550 555 560
 50
 Leu Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser
 565 570 575
 Gly Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala
 580 585 590
 55
 Val Gly Gly Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe
 595 600 605
 60
 Arg Phe Thr Glu Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr
 610 615 620
 65

ES 2 281 409 T3

Ser Ser Gly Ser Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp
 625 630 635 640

5 Leu Glu His His His His His His
 645

<210> 110

10 <211> 1782

<212> ADN

<213> Secuencia superficial

15 <220>

<223> deltaG741-961c

<400> 110

20 atggtcgcgcg ccgacatcgg tgcggggcctt gccgatgcac taaccgcacc gctcgcaccat 60
 aaagacaaag gtttgacgtc tttgacgctg gatcagtcgc tcaggaaaaa cgagaaaactg 120
 aagctggcgg cacaagggtc ggaanaaact tatggaaacg gtgacagect caatacgggc 180
 aaattgaaga acgacaaggc cagccgttcc gactttatcc gccaaatcga agtggacggg 240
 25 cagctcatta ccttggagag tggagagttc caagtataca aacaaagcca ttccgcctta 300
 accgcctttc agaccgagca aatacaagat tcygagcatt ccgggaagat ggttgcgaaa 360
 cgcagttca gaatcggcga catagcgggc gaacatacat cttttgacaa gcttcccga 420
 ggcggcaggg cgacatctc cgggacggcg ttccggtcag acgatgcgg cggaaaactg 480
 acctacacca tagatttcgc cgccaagcag ggaaacggca aaatcgaaca tttgaaatcg 540
 30 ccagaactca atgtcgacct ggccgcgcgc gatatacagc cggatggaaa acgcccagcc 600
 gtcactcagc gttccgctct ttacaaccaa gccgagaaaag gcagttactc cctcgggtatc 660
 tttgycggaa aagcccagga agttgcgggc agcgcggaag tgaaaaccyt aaacggcata 720
 cgccatctcg gccttgcgcg caagcaactc gagggtggcg gaggcactgg atcccacc 780
 aacgacgacg atgttaaaaa agctgcacct gtggccattg ctgctgctca caacaatggc 840
 35 caagaaatca acggtttcaa agchggagag accatctacg acattgatga agacggcaca 900
 attaacaaa aagacgcac ccagccgat gttgaaqccg acgactttaa aggtctgggt 960
 ctgaaaaaag tegtgaclaa cctgacaaaa accgtcaatg aaaacaaaca aaacgtcgat 1020
 gccaaagtta aagctgcaga atctqaata gaaaagftaa caaccaagt t agcagacct 1080
 40 gatgcgcctt haggagatag tgalgcggct ctggatgcaa ccaccaacgc cttgaaataa 1140
 ttgggagaaa atataaccac atttgcctgaa gacactaaga caaatatcgt aaaaattgat 1200
 gaaaaattag aagcctgggc tgataccgct gacaagcatg ccgaagcatt caacgatate 1260
 gccgatctat tggatgaaac caacactaag gcagacgaag ccgtcaaac cgccaatgaa 1320
 gccaaacaga cggccgaaga aacraaaaa aagctcgatg ccaaaagtaa agctgcagaa 1380
 45 actgcagcag gcaaaagcga agctgcggct ggcacagcta atactgcagc cgacaaggcc 1440
 gaagctgtcg ctgcaaaaat taccgacatc aaagctgata tcyctacgaa caaagataat 1500
 attgctaaaa aagcaaacag tgcgcagctc tacaaccagag aagagcttga cagcaaatft 1560
 gtcagaaltg atggtctgaa cgtactacc gaaaaattgg acacacgctt ggttctctgt 1620
 gaaaaatcca ttgcagatca cgtactctgc atgaacgggt tggataaaac agtctcagac 1680
 50 ctgcycaaag aaaccgcga aggccttgcg gaacaagccg cgtctctcgg tctgttccaa 1740
 ccttacaacg tgggtctaga gcaaccacc caccaccact ga 1782

<210> 111

55 <211> 593

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

60 <220>

<223> deltaG741-961c

<400> 111

65 Met Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala

ES 2 281 409 T3

	1			5					10				15			
5	Pro	Leu	Asp	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Leu	Gln	Ser	Leu	Thr	Leu	Asp	Gln
				20					25					30		
	Ser	Val	Arg	Lys	Asn	Glu	Lys	Leu	Lys	Leu	Ala	Ala	Gln	Gly	Ala	Glu
			35					40					45			
10	Lys	Thr	Tyr	Gly	Asn	Gly	Asp	Ser	Leu	Asn	Thr	Gly	Lys	Leu	Lys	Asn
		50					55					60				
15	Asp	Lys	Val	Ser	Arg	Phe	Asp	Phe	Ile	Arg	Gln	Ile	Glu	Val	Asp	Gly
	65					70				75						80
	Gln	Leu	Ile	Thr	Leu	Glu	Ser	Gly	Glu	Phe	Gln	Val	Tyr	Lys	Gln	Ser
					85					90					95	
20	His	Ser	Ala	Leu	Thr	Ala	Phe	Gln	Thr	Glu	Gln	Ile	Gln	Asp	Ser	Glu
				100					105					110		
25	His	Ser	Gly	Lys	Met	Val	Ala	Lys	Arg	Gln	Phe	Arg	Ile	Gly	Asp	Ile
			115					120					125			
	Ala	Gly	Glu	His	Thr	Ser	Phe	Asp	Lys	Leu	Pro	Glu	Gly	Gly	Arg	Ala
		130					135					140				
30	Thr	Tyr	Arg	Gly	Thr	Ala	Phe	Gly	Ser	Asp	Asp	Ala	Gly	Gly	Lys	Leu
	145					150				155						160
	Thr	Tyr	Thr	Ile	Asp	Phe	Ala	Ala	Lys	Gln	Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Glu
				165						170					175	
35	His	Leu	Lys	Ser	Pro	Glu	Leu	Asn	Val	Asp	Leu	Ala	Ala	Ala	Asp	Ile
				180					185					190		
40	Lys	Pro	Asp	Gly	Lys	Arg	His	Ala	Val	Ile	Ser	Gly	Ser	Val	Leu	Tyr
			195					200					205			
	Asn	Gln	Ala	Glu	Lys	Gly	Ser	Tyr	Ser	Leu	Gly	Ile	Phe	Gly	Gly	Lys
		210					215					220				
45	Ala	Gln	Glu	Val	Ala	Gly	Ser	Ala	Glu	Val	Lys	Thr	Val	Asn	Gly	Ile
	225					230					235					240
	Arg	His	Ile	Gly	Leu	Ala	Ala	Lys	Gln	Leu	Glu	Gly	Gly	Gly	Gly	Thr
50					245					250						255
	Gly	Ser	Ala	Thr	Asn	Asp	Asp	Asp	Val	Lys	Lys	Ala	Ala	Thr	Val	Ala
				260					265					270		
55	Ile	Ala	Ala	Ala	Tyr	Asn	Asn	Gly	Gln	Glu	Ile	Asn	Gly	Phe	Lys	Ala
			275					280					285			
	Gly	Glu	Thr	Ile	Tyr	Asp	Ile	Asp	Glu	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Lys	Lys
60							295				300					
	Asp	Ala	Thr	Ala	Ala	Asp	Val	Glu	Ala	Asp	Asp	Phe	Lys	Gly	Leu	Gly

65

ES 2 281 409 T3

	305	310	315	320
5	Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys	325	330	335
	Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys	340	345	350
10	Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp	355	360	365
	Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn	370	375	380
15	Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp	385	390	395
	Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala	405	410	415
20	Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp	420	425	430
	Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr	435	440	445
30	Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly	450	455	460
	Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala	465	470	475
35	Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr	485	490	495
	Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr	500	505	510
40	Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala	515	520	525
	Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile	530	535	540
45	Ala Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp	545	550	555
	Leu Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser	565	570	575
50	Gly Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Leu Glu His His His His His	580	585	590
55	His			

<210> 112

<211> 3939

60 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

65 <223> deltaG741-983

ES 2 281 409 T3

<400> 112

	atggtcgccg	ccgacatcgg	tcgggggcct	gccgatgcac	taaccgcacc	gctcggaccat	60
5	aaagacaaaag	gtttgcagtc	tttgacgctg	gatcagtcog	tcaggaaaaa	cgagaaactg	120
	aagctggcgg	cacaagggtc	ggaaaaaact	tatggaaacg	gtgacagcct	caatacgggc	180
	aaattgaaga	acgacaaggc	cagccgtttc	gactttatec	gccaaatcga	agtggacggg	240
	cagctcatta	ccttggagag	tggagagttc	caagtataca	aacaaagcca	ttccgcctta	300
	accgccttte	agaccgagca	aatacaagat	tcggagcatt	ccgggaagat	ggttgcgaaa	360
10	cgccagttca	gaatcggcga	catagcgggc	gaacatacat	cttttgacaa	gcttcccgaa	420
	ggcggcaggg	cgacatatac	cgggacggcg	ttcggttcag	acgatgcccg	cggaaaactg	480
	acctacacca	tagatttcgc	cgccaagcag	ggaaacggca	aaatcgaaca	tttgaatcgc	540
	ccagaactca	atgtcgacct	ggccgcgcgc	gatatcaagc	cggatggaaa	acgccatgcc	600
	gtcatcagcg	gttcgcctct	ttacaacca	gcccggaaa	gcagttactc	cctcgggtatc	660
15	tttggcggaa	aagcccagga	agttgcggc	agcgcggaag	tgaaaaccgt	aaacggcata	720
	cgccatatac	gccttgccgc	caagcaactc	gagggatccg	gcggaggcgg	cacttctcgg	780
	cccgacttca	atgcaggcgg	taccgggtatc	ggcagcaaca	gcagagcaac	aacgcgaaa	840
	tcagcagcag	tatcttacgc	cggtatcaag	aacgaaatgt	gcaaagacag	aagcatgctc	900
	tgtgccggtc	gggatgacgt	tgcggttaca	gacagggatg	ccaaatcaa	tgccccccc	960
20	ccgaatctgc	ataccggaga	ctttccaaac	ccaaatgacg	catacaagaa	tttgatcaac	1020
	ctcaaacctg	caattgaagc	aggctataca	ggagcggggg	tagaggtagg	tatcgtcgac	1080
	acaggcgaat	ccgtcggcag	catatccttt	cccgaactgt	atggcagaaa	agaacacggc	1140
	tataacgaaa	attacaaaa	ctatacggcg	tatatgcgga	aggaagcgc	tgaaagcggg	1200
25	ggcggtaaag	acattgaagc	ttctttcgac	gatgagccg	ttatagagac	tgaaagcaag	1260
	ccgactgata	tcgccacgt	aaaagaaatc	ggcacatcgc	atlttggtctc	ccatattatt	1320
	ggcggcgtt	ccgtggacgg	cagacctgca	ggcggatttg	cgcccgatgc	gacgctacac	1380
	ataatgaata	cgaatgatga	aaccaayaac	gaatgatgg	ttycagccat	ccgcaatgca	1440
	tyggtcaagc	tgggcgaacg	tggcgtgcgc	atcgtcaata	acagttttgg	aacaacatcg	1500
30	agggcaggca	ctgccgacct	tttccaaata	gccaattcgg	aggagcagta	ccgccaaagc	1560
	ttgctcgact	atccggcgg	tgataaaaaca	gagaggggta	tcgccctgat	gcaacagagc	1620
	gattacggca	acctgtccta	ccacatccgt	aataaaaaca	tgcttttcat	cttttcgaca	1680
	ggcaatgacg	cacaagctca	gcccacacac	tatgccttat	tgccatttta	tgaaaaagac	1740
	gctcaaaaaag	gcattatcac	agtcgcaggc	gtagaccgca	gtggagaaaa	gttcaaacgg	1800
35	gaaatgtatg	gagaaccggg	tacagaaccg	cttgagtatg	gctccaacca	ttggcgaatt	1860
	actgccatgt	ggtgctctgc	ggcaccctat	gagcgaagcg	tcctgttccac	ccgtacaaac	1920
	ccgattcaaaa	ttgccggaac	atccttttcc	gcacccatcg	taaccggcac	ggcggctctg	1980
	ctgctgcaga	aataccctg	gatgagcaac	gacaacctgc	gtaccacgtt	gctgacgacg	2040
40	gctcaggaca	tcggtgcagt	nggggtggac	agaaaghtcg	gctggggact	gctggatgcg	2100
	gglaaaggca	tgaaccggcc	cgcgctcctt	ccgttcggcg	actttaccgc	cgatacggaa	2160
	ggtacatccg	atattgccta	ctccttccgt	aacgacattt	caggcacggg	cggcctgac	2220
	aaaaaaqccg	gcagccaact	gcaactgcac	ggcaacaaca	ccatatacgg	caaaaccatl	2280
	atcgaaggcg	gttcgctggc	gttgtaccgc	aacaacaat	cgatatacgg	cgtegaaacc	2340
45	aaaggtgcgc	tgatttataa	cggggcggca	tcggcgggca	gcctgaacag	cgacggcatt	2400
	gtctatctgg	caqataccga	ccaatccggc	gcnaacgaaa	ccgtacacat	caaaggcagt	2460
	ctgcagctgg	acggcaaaag	taagctgtac	acacgtttgg	gcaaacgtct	gaaagtggac	2520
	ggtaccggga	ttatcggcgg	caagctgtac	atgtccggca	ggggcaaggg	ggcaggetat	2580
	ctcaacagta	ccggacgacg	tgttcccttc	ctgagtgccg	ccaaaatcgg	gcaggattat	2640
50	tctttcttca	gnaacatrga	aacccgacgg	ggcctgctgg	cttccctcga	cagcgtcgaa	2700
	aaaaaaqccg	gaaqhgaaag	cgacacgctg	tcctabbtat	tccttcggcg	caatgcggca	2760
	nggaactgct	gggcagcggc	acattccggc	ccggccgggtc	tgaaacacgc	cttagaacag	2820
	ggcggcagca	acctggaaaa	ctcgtatggc	gaactggatg	cttccgaatc	atccgcaaca	2880
55	cccagagcgg	ttgaaactgc	ggcagccgac	cgnaacagata	tgcccgccat	ccgcctctac	2940

60

65

ES 2 281 409 T3

5
10
15
20

```

ggcgcaactt tccgcgcagc ggcagccgta cagcatgcga atgccgcgca cgggtgtacgc 3000
atcttcaaca gtctcgccgc taccgtctat gccgacagta ccgccgccca tgccgatatg 3060
cagggacgcc gcctgaaagc cgtatcggac gggttggacc acaacggcac gggctctgcgc 3120
gtcatcgcgc aaacccaaca ggacggtgga acgtgggaac agggcggtgt tgaaggcaaa 3180
atgcgcgcca gtacccaac cgtcggcatt gccgcgaaa ccggcgaaaa tacgacagca 3240
gccgccacac tgggcatggg acgcagcaca tggagcgaaa acagtgcaaa tgcaaaaacc 3300
gacagcatta gtctgtttgc aggcatacgg cacgatgcgg gcgatatcgg ctatctcaaa 3360
ggcctgttct cctacggagc ctacaaaaac agcatcagcc gcagcaccgg tgccggacgaa 3420
catgcggaag gcagcgtcaa cggcacgctg atgcagctgg gcgcactggg cgggtgtcaac 3480
gttccgtttg ccgcaacggg agatttgacg gtcgaaggcg gtctgcgcta cgacctgctc 3540
aaacaggatg cattcgctga aaaaggcagt gctttgggct ggagcggcaa cagcctcact 3600
gaaggcacgc tggtcggact cgcgggtctg aagetgtcgc aacccttgag cgataaagcc 3660
gtcctgtttg caacggcggg cgtggaacgc gacctgaacg gacgcgacta cacggtaacg 3720
ggcggcttta ccggcgcgac tgcagcaacc ggcaagacgg gggcacgcaa tatgccgcac 3780
accgctctgg ttgccggcct gggcgcggat gtcgaattcg gcaacggctg gaacggcttg 3840
gcacgttaca getacgccgg ttccaacag tacggcaacc acagcggagc agtcggcgta 3900
ggctaccggt tectcgagca ccaccaccac caccactga 3939

```

<210> 113

<211> 1312

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> deltaG741-983

<400> 113

35
40
45
50
55
60
65

```

Met Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala
1          5          10          15

Pro Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Gln Ser Leu Thr Leu Asp Gln
20        25        30

Ser Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu
35        40        45

Lys Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn
50        55        60

Asp Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly
65        70        75        80

Gln Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser
85        90        95

His Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu
100       105       110

His Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile
115       120       125

Ala Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Glu Gly Gly Arg Ala
130       135       140

Thr Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu
145       150       155       160

```

ES 2 281 409 T3

Thr Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Glu
 165 170 175
 5 His Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile
 180 185 190
 10 Lys Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr
 195 200 205
 Asn Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys
 210 215 220
 15 Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile
 225 230 235 240
 20 Arg His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu Gly Ser Gly Gly Gly
 245 250 255
 Gly Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly Ile Gly Ser
 260 265 270
 25 Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser Tyr Ala Gly
 275 280 285
 Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys Ala Gly Arg
 290 295 300
 30 Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn Ala Pro Pro
 305 310 315 320
 35 Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp Ala Tyr Lys
 325 330 335
 Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr Thr Gly Arg
 340 345 350
 40 Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val Gly Ser Ile
 355 360 365
 Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr Asn Glu Asn
 370 375 380
 45 Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro Glu Asp Gly
 385 390 395 400
 50 Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala Val Ile Glu
 405 410 415
 Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu Ile Gly His
 420 425 430
 55 Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp Gly Arg
 435 440 445
 60 Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met Asn Thr
 450 455 460
 65

ES 2 281 409 T3

5 Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg Asn Ala
 465 470 475 480
 Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn Ser Phe
 485 490 495
 10 Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln Ile Ala Asn
 500 505 510
 Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly Gly Asp
 515 520 525
 15 Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr Gly Asn
 530 535 540
 Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe Ser Thr
 545 550 555 560
 20 Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu Pro Phe
 565 570 575
 Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly Val Asp
 580 585 590
 25 Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro Gly Thr
 595 600 605
 30 Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala Met Trp
 610 615 620
 Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg Thr Asn
 625 630 635 640
 35 Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val Thr Gly
 645 650 655
 40 Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn Asp Asn
 660 665 670
 Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala Val Gly
 675 680 685
 45 Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys Ala Met
 690 695 700
 50 Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp Thr Lys
 705 710 715 720
 Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser Gly Thr
 725 730 735
 55 Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu His Gly Asn
 740 745 750
 60 Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu
 755 760 765

65

ES 2 281 409 T3

Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr Lys Gly Ala Leu
 770 775 780
 5
 Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser Asp Gly Ile
 785 790 795 800
 Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu Thr Val His
 805 810 815
 10
 Ile Lys Gly Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu Tyr Thr Arg
 820 825 830
 Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile Gly Gly Lys
 835 840 845
 15
 Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu Asn Ser Thr
 850 855 860
 20
 Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly Gln Asp Tyr
 865 870 875
 Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu Ala Ser Leu
 885 890 895
 25
 Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr Leu Ser Tyr
 900 905 910
 Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala Ala Ala His
 915 920 925
 30
 Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln Gly Gly Ser Asn
 930 935 940
 35
 Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser Ser Ala Thr
 945 950 955
 40
 Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp Met Pro Gly
 965 970 975
 Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala Val Gln His
 980 985 990
 45
 Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu Ala Ala Thr
 995 1000 1005
 Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Glu Gly Arg Arg
 1010 1015 1020
 50
 Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr Gly Leu Arg
 1025 1030 1035 1040
 Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Glu Gln Gly Gly
 1045 1050 1055
 55
 Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala
 1060 1065 1070
 60
 65

ES 2 281 409 T3

5 Lys Thr Gly Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg
 1075 1080 1085
 Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser Ile Ser
 1090 1095 1100
 10 Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys
 1105 1110 1115 1120
 Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr
 1125 1130 1135
 15 Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln
 1140 1145 1150
 20 Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp
 1155 1160 1165
 Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala
 1170 1175 1180
 25 Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr
 1185 1190 1195 1200
 30 Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu
 1205 1210 1215
 Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu Arg Asp Leu
 1220 1225 1230
 35 Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala
 1235 1240 1245
 40 Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val
 1250 1255 1260
 Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu
 1265 1270 1275 1280
 45 Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly
 1285 1290 1295
 50 Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Glu His His His His His His
 1300 1305 1310

<210> 114

55 <211> 2028

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

60 <220>

<223> deltaG741-ORF46.1

65

ES 2 281 409 T3

<400> 114

```

5      atggtcgccg cgcacatcgg tgcggggcct gccgatgcac taaccgcacc gctcgaccat   60
      aaagacaaaq gtttcagctc tttgacgctg gatcagtcgg tcaggaaaaa cgagaaactg   120

      aagctggcgg cacaaggtgc ggaaaaaact tatggaaacg gtgacagcct caatacgggc   180
      aaattgaaga acgacaaggt cagccgtttc gactttatcc gccaaatcga agtggacggg   240
      cagctcatta ccttgagagag tggagagttc caagtataca aacaaagcca ttcgcctta   300
10     accgcctttc agaccgagca aatacaagat tcggagcatr ccgggaagat ggttgcgaaa   360
      cgccagttca gaatcggcga catagcgggc gaacatacat cttttgacaa gcttcccgaa   420
      ggcggcaggg cgcacatcgc cgggacggcg ttcggttcag acgatgcggg cggaaaaactg   480
      acctacacca tagatttcgc cgccaagcag ggaaaacggca aaatcgaaca tttgaaatcg   540
      ccagaactca atgtcgacct ggccgcccgc gatataaagc cggatggaaa acgccatgcc   600
15     gtcacacagg gttccggtcc ttacaaccaa gccgagaaag gcagttactc cctcgggtatc   660
      tttggcggaa aagcccagga agttgccggc agcgcggaag tgaaaaccgt aaacggcata   720
      cgccatcctg gccctgcggc caagcaactc gacgggtggc gaggcactgg atcctcagat   780
      ttggcaaacg attcttttat ccggcaggtt ctgcagccgc agcatttctg acccgacggg   840
      aaataccacc tattcggcag caggggggaa cttgcggagc gcagcggcca tatcggattg   900
20     ggaaaaatac naagccatca gttgggcaac ctgatgatc aacagcgggc cattaagga   960
      aatateggct acattgtcgg cttttccgat caggggcacg aaghtccatc ccccttcgac   1020
      aaccatgctt cacattccga ttctgatgaa gccggtagtc ccggtgacgg atttagcctt   1080
      taccgcatcc attgggacgg atacgaacac catcccgcgg acggctatga cgggccacag   1140
      ggcggcggct atcccgtctc caaaggcggc agggatatac acagctacga cataaaaggc   1200
25     gttgcccaaa atatccgctt caacctgacc gacaaccgca gcaccggaca acggcttgcg   1260
      gaccgtttcc acaatgcggg tagtatgctg acccaaggag taggcgacgg attcaaacgc   1320
      geeaccgatc acagcccaga gctggacngg tcgggcaatg ccgcccgaagc cttcaacggc   1380
      actgcagata tcgthaaaaa catcateggc gcggcaggag aaattgtcgg cgcaggcgat   1440
      gccgtgcagg gcataagcaa aggcacaaac attgctgtca tgcacggctt gqctctgctt   1500
30     tccaccgaaa acaagatgac ccgcataaac gat ttggcag atatggcga actcaaaagc   1560
      katgcggcag cagccatcgg cgal tgggca gtccaaaacc ccaatgcggc acaaggcata   1620
      gaagccgtca gcaatalett tatggcagcc atcccataca aagggatggy agctgttcgg   1680
      qgaaaaatag gcttgggggg catcacggca catcctatcc agcggtcgca qatggcccgg   1740
      atcgcattgc cgaaggggaa atcccgcgtc agcgaacaat ttgcggatgc ggcatacggc   1800
35     aataccctgt ccccttacca ttcccghaat atccgtcwa aettggagca gogltacggc   1860
      aaagaaaaaa tcacctcttc aacogtgcgg ccgtaaaag gcaaaatgtt caaacgggca   1920
      gaccaagccc acccnaaagc agcgttacgg tttgaaagta aaggggttcc gaattttcag   1980
      aagcacgtga aatkatgatac gctcgaagcac caaccaccac accactga   2028

```

40 <210> 115

<211> 675

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

45

<220>

<223> deltaG741-ORF46.1

50 <400> 115

```

      Met Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala
      1          5          10          15

55     Pro Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Gln Ser Leu Thr Leu Asp Gln
          20          25          30

      Ser Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu
          35          40          45

      Lys Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn
          50          55          60

65     Asp Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly
          65          70          75          80

```

ES 2 281 409 T3

5 Gln Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser
 85 90 95
 His Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu
 100 105 110
 10 His Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile
 115 120 125
 Ala Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Glu Gly Gly Arg Ala
 130 135 140
 15 Thr Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu
 145 150 155 160
 Thr Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Glu
 165 170 175
 20 His Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile
 180 185 190
 25 Lys Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr
 195 200 205
 Asn Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys
 210 215 220
 30 Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile
 225 230 235 240
 35 Arg His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Asp Gly Gly Gly Thr
 245 250 255
 Gly Ser Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp
 260 265 270
 40 Arg Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg
 275 280 285
 Gly Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln
 290 295 300
 45 Ser His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly
 305 310 315 320
 50 Asn Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Gln Val His
 325 330 335
 Ser Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly
 340 345 350
 55 Ser Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr
 355 360 365
 60 Glu His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Gly Tyr
 370 375 380

65

ES 2 281 409 T3

Pro Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly
 385 390 395 400
 5 Val Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly
 405 410 415
 10 Gln Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln
 420 425 430
 Gly Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu
 435 440 445
 15 Asp Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile
 450 455 460
 20 Val Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp
 465 470 475 480
 Ala Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly
 485 490 495
 25 Leu Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu
 500 505 510
 Ala Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp
 515 520 525
 30 Trp Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu Ala Val Ser
 530 535 540
 35 Asn Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg
 545 550 555 560
 Gly Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser
 565 570 575
 40 Gln Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp
 580 585 590
 45 Asn Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser
 595 600 605
 Arg Asn Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile
 610 615 620
 50 Thr Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asp Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala
 625 630 635 640
 55 Asp Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe
 645 650 655
 Pro Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Leu Glu His His His
 660 665 670
 60 His His His
 675

<210> 116

65 <211> 249

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> Proteína nueva

5 <400> 116

Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Leu Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
 1 5 10 15

Ile Leu Ala Ala Ala Ile Pro Ala Gly Asn Asp Ala Thr Thr Lys Pro
 20 25 30

Asp Leu Tyr Tyr Leu Lys Asn Glu Gln Ala Ile Asp Ser Leu Lys Leu
 35 40 45

Leu Pro Pro Pro Pro Glu Val Gly Ser Ile Gln Phe Leu Asn Asp Gln
 50 55 60

Ala Met Tyr Glu Lys Gly Arg Met Leu Arg Asn Thr Glu Arg Gly Lys
 65 70 75 80

Gln Ala Gln Ala Asp Ala Asp Leu Ala Ala Gly Gly Val Ala Thr Ala
 85 90 95

Phe Ser Gly Ala Phe Gly Tyr Pro Ile Thr Glu Lys Asp Ser Pro Glu
 100 105 110

Leu Tyr Lys Leu Leu Thr Asn Met Ile Glu Asp Ala Gly Asp Leu Ala
 115 120 125

Thr Arg Ser Ala Lys Glu His Tyr Met Arg Ile Arg Pro Phe Ala Phe
 130 135 140

Tyr Gly Thr Glu Thr Cys Asn Thr Lys Asp Gln Lys Lys Leu Ser Thr
 145 150 155 160

Asn Gly Ser Tyr Pro Ser Gly His Thr Ser Ile Gly Trp Ala Thr Ala
 165 170 175

Leu Val Leu Ala Glu Val Asn Pro Ala Asn Gln Asp Ala Ile Leu Glu
 180 185 190

Arg Gly Tyr Gln Leu Gly Gln Ser Arg Val Ile Cys Gly Tyr His Trp
 195 200 205

Gln Ser Asp Val Asp Ala Ala Arg Ile Val Gly Ser Ala Ala Val Ala
 210 215 220

Thr Leu His Ser Asp Pro Ala Phe Gln Ala Gln Leu Ala Lys Ala Lys
 225 230 235 240

Gln Glu Phe Ala Glu Lys Ser Gln Lys
 245

60 <210> 117

<211> 66

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

65

<220>

<223> Unión L1

ES 2 281 409 T3

<220>
<221> N
<222> 13
5 <223> A, T/U, G o C

<400> 117

10 **tatgaartay ytnftymgag cgcacctgta cggcaccgcc gccgccatcc tcgccgcgcg 60**
gatccc 66

15 <210> 118
<211> 69
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
20 <220>
<223> Unión S1

25 <220>
<221> N
<222> 25, 28
<223> A, T/U, G o C
30 <400> 118

35 **tatgaaaaaa tacctattcc grgcngcnyt rtayggsatc gccgcgcgca tcctcgcgcg 60**
cgcgatccc 69

40 <210> 119
<211> 27
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> 9LI-a

<400> 119

50 **atgaagaagt acctttcag cgccgcc 27**

55 <210> 120
<211> 27
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

60 <220>
<223> 9L1-e

<400> 120

65 **atgaaaaaat acctttccg cgccgcc 27**

<210> 121

ES 2 281 409 T3

<211> 27
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
5 <220>
<223> 9LI-d
10 <400> 121
atgaaaaaat actttttccg cgccgcc 27
15 <210> 122
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
20 <220>
<223> 9L1-f
25 <400> 122
atgaaaaaat atctcttag cgccgcctg tacggcatcg ccgccgcat cctcgccgcc 60
30 <210> 123
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
35 <220>
<223> 919sp
40 <400> 123
atgaaaaaat acctattccg cgccgcctg tacggcatcg ccgccgcat cctcgccgcc 60
45 <210> 124
<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
50 <220>
<223> 9L1a
55 <400> 124
Met Lys Lys Tyr Leu Phe Ser Ala Ala
1 5
60 <210> 125
<211> 9
<212> PRT
65 <213> Secuencia artificial
<220>

ES 2 281 409 T3

<223> 9L1e

<400> 125

5 Met Lys Lys Tyr Phe Phe Arg Ala Ala
1 5

<210> 126

10 <211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

15 <220>
<223> 9LIId

20 <400> 126

Met Lys Lys Tyr Phe Phe Arg Ala Ala
1 5

25 <210> 127
<211> 20
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

30 <220>
<223> 9L1f

35 <400> 127

Met Lys Lys Tyr Leu Phe Ser Ala Ala Leu Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15

40 Ile Leu Ala Ala
20

<210> 128

45 <211> 20
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

50 <220>
<223> 9Llsp

<400> 128

55 Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Leu Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15

Ile Leu Ala Ala
20

60 <210> 129
<211> 42
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

65

ES 2 281 409 T3

<220>
<223> 9S1-e

5 <400> 129
atgaaaaaat acctattcat cgccgccc atcctgccc cc 42

10 <210> 130
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

15 <220>
<223> 9S1-c

20 <400> 130
atgaaaaaat acctattccg agctgcccaa tacggcatcg ccgcccgat cctgcccgc 60

25 <210> 131
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

30 <220>
<223> 9S1-b

35 <400> 131
atgaaaaaat acctattccg ggccgcccaa tacggcatcg ccgcccgat cctgcccgc 60

40 <210> 132
<211> 60
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> 9S1-i

50 <400> 132
atgaaaaaat acctattccg ggccgcttg tacgggatcg ccgcccgat cctgcccgc 60

55 <210> 133
<211> 14
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

60 <220>
<223> 9S1e

65

ES 2 281 409 T3

<400> 133
Met Lys Lys Tyr Leu Phe Ile Ala Ala Ala Ile Leu Ala Ala
1 5 10
5
<210> 134
<211> 120
<212> PRT
10 <213> Secuencia artificial

<220>
15 <223> 9S1c

<400> 134
Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Gln Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15
20 Ile Leu Ala Ala
20

25 <210> 135
<211> 20
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
30
<220>
<223> 9SIb

35 <400> 135
Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Gln Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15
40 Ile Leu Ala Ala
20

<210> 136
45 <211> 20
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

50 <220>
<223> 9SLi

<400> 136
55 Met Lys Lys Tyr Leu Phe Arg Ala Ala Leu Tyr Gly Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15
Ile Leu Ala Ala
20
60

<210> 137
<211> 467
<212> PRT
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> 730

5 <400> 137

	Val	Lys	Pro	Leu	Arg	Arg	Leu	Thr	Asn	Leu	Leu	Ala	Ala	Cys	Ala	Val
	1				5					10					15	
10	Ala	Ala	Ala	Ala	Leu	Ile	Gln	Pro	Ala	Leu	Ala	Ala	Asp	Leu	Ala	Gln
				20					25					30		
15	Asp	Pro	Phe	Ile	Thr	Asp	Asn	Ala	Gln	Arg	Gln	His	Tyr	Glu	Pro	Gly
			35					40					45			
	Gly	Lys	Tyr	His	Leu	Phe	Gly	Asp	Pro	Arg	Gly	Ser	Val	Ser	Asp	Arg
		50					55					60				
20	Thr	Gly	Lys	Ile	Asn	Val	Ile	Gln	Asp	Tyr	Thr	His	Gln	Met	Gly	Asn
	65					70					75					80
25	Leu	Leu	Ile	Gln	Gln	Ala	Asn	Ile	Asn	Gly	Thr	Ile	Gly	Tyr	His	Thr
					85					90					95	
	Arg	Phe	Ser	Gly	His	Gly	His	Glu	Glu	His	Ala	Pro	Phe	Asp	Asn	His
				100					105					110		
30																
35																
40																
45																
50																
55																
60																
65																

ES 2 281 409 T3

Ala Ala Asp Ser Ala Ser Glu Glu Lys Gly Asn Val Asp Glu Gly Phe
 115 120 125

5 Thr Val Tyr Arg Leu Asn Trp Glu Gly His Glu His His Pro Ala Asp
 130 135 140

Ala Tyr Asp Gly Pro Lys Gly Gly Asn Tyr Pro Lys Pro Thr Gly Ala
 145 150 155 160

10 Arg Asp Glu Tyr Thr Tyr His Val Asn Gly Thr Ala Arg Ser Ile Lys
 165 170 175

Leu Asn Pro Thr Asp Thr Arg Ser Ile Arg Gln Arg Ile Ser Asp Asn
 180 185 190

Tyr Ser Asn Leu Gly Ser Asn Phe Ser Asp Arg Ala Asp Glu Ala Asn
 195 200 205

20 Arg Lys Met Phe Glu His Asn Ala Lys Leu Asp Arg Trp Gly Asn Ser
 210 215 220

Met Glu Phe Ile Asn Gly Val Ala Ala Gly Ala Leu Asn Pro Phe Ile
 225 230 235 240

25 Ser Ala Gly Glu Ala Leu Gly Ile Gly Asp Ile Leu Tyr Gly Thr Arg
 245 250 255

Tyr Ala Ile Asp Lys Ala Ala Met Arg Asn Ile Ala Pro Leu Pro Ala
 260 265 270

30 Glu Gly Lys Phe Ala Val Ile Gly Gly Leu Gly Ser Val Ala Gly Phe
 275 280 285

35 Glu Lys Asn Thr Arg Glu Ala Val Asp Arg Trp Ile Gln Glu Asn Pro
 290 295 300

Asn Ala Ala Glu Thr Val Glu Ala Val Phe Asn Val Ala Ala Ala Ala
 305 310 315 320

40 Lys Val Ala Lys Leu Ala Lys Ala Ala Lys Pro Gly Lys Ala Ala Val
 325 330 335

Ser Gly Asp Phe Ala Asp Ser Tyr Lys Lys Lys Leu Ala Leu Ser Asp
 340 345 350

45 Ser Ala Arg Gln Leu Tyr Cln Asn Ala Lys Tyr Arg Glu Ala Leu Asp
 355 360 365

50 Ile His Tyr Glu Asp Leu Ile Arg Arg Lys Thr Asp Gly Ser Ser Lys
 370 375 380

Phe Ile Asn Gly Arg Glu Ile Asp Ala Val Thr Asn Asp Ala Leu Ile
 385 390 395 400

55 Gln Ala Lys Arg Thr Ile Ser Ala Ile Asp Lys Pro Lys Asn Phe Leu
 405 410 415

60

65

ES 2 281 409 T3

Asn Gln Lys Asn Arg Lys Gln Ile Lys Ala Thr Ile Glu Ala Ala Asn
 420 425 430
 5 Gln Gln Gly Lys Arg Ala Glu Phe Trp Phe Lys Tyr Gly Val His Ser
 435 440 445
 Gln Val Lys Ser Tyr Ile Glu Ser Lys Gly Gly Ile Val Lys Thr Gly
 450 455 460
 10 Leu Gly Asp
 465
 <210> 139
 15 <211> 377
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 20 <220>
 <223> 730-C1
 25 <400> 138
 Met Ala Asp Leu Ala Gln Asp Pro Phe Ile Thr Asp Asn Ala Gln Arg
 1 5 10 15
 30 Gln His Tyr Glu Pro Gly Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Asp Pro Arg
 20 25 30
 Gly Ser Val Ser Asp Arg Thr Gly Lys Ile Asn Val Ile Gln Asp Tyr
 35 35 40 45
 Thr His Gln Met Gly Asn Leu Leu Ile Gln Gln Ala Asn Ile Asn Gly
 50 55 60
 40 Thr Ile Gly Tyr His Thr Arg Phe Ser Gly His Gly His Glu Glu His
 65 70 75 80
 Ala Pro Phe Asp Asn His Ala Ala Asp Ser Ala Ser Glu Glu Lys Gly
 45 85 90 95
 Asn Val Asp Glu Gly Phe Thr Val Tyr Arg Leu Asn Trp Glu Gly His
 100 105 110
 50 Glu His His Pro Ala Asp Ala Tyr Asp Gly Pro Lys Gly Gly Asn Tyr
 115 120 125
 Pro Lys Pro Thr Gly Ala Arg Asp Glu Tyr Thr Tyr His Val Asn Gly
 130 135 140
 55 Thr Ala Arg Ser Ile Lys Leu Asn Pro Thr Asp Thr Arg Ser Ile Arg
 145 150 155 160
 60 Gln Arg Ile Ser Asp Asn Tyr Ser Asn Leu Gly Ser Asn Phe Ser Asp
 165 170 175
 Arg Ala Asp Glu Ala Asn Arg Lys Met Phe Glu His Asn Ala Lys Leu
 180 185 190
 65

ES 2 281 409 T3

Asp Arg Trp Gly Asn Ser Met Glu Phe Ile Asn Gly Val Ala Ala Gly
 195 200 205
 5 Ala Leu Asn Pro Phe Ile Ser Ala Gly Glu Ala Leu Gly Ile Gly Asp
 210 215 220
 10 Ile Leu Tyr Gly Thr Arg Tyr Ala Ile Asp Lys Ala Ala Met Arg Asn
 225 230 235 240
 15 Ile Ala Pro Leu Pro Ala Glu Gly Lys Phe Ala Val Ile Gly Gly Leu
 245 250 255
 20 Gly Ser Val Ala Gly Phe Glu Lys Asn Thr Arg Glu Ala Val Asp Arg
 260 265 270
 25 Trp Ile Gln Glu Asn Pro Asn Ala Ala Glu Thr Val Glu Ala Val Phe
 275 280 285
 30 Asn Val Ala Ala Ala Ala Lys Val Ala Lys Leu Ala Lys Ala Ala Lys
 290 295 300
 35 Pro Gly Lys Ala Ala Val Ser Gly Asp Phe Ala Asp Ser Tyr Lys Lys
 305 310 315 320
 40 Lys Leu Ala Leu Ser Asp Ser Ala Arg Gln Leu Tyr Gln Asn Ala Lys
 325 330 335
 45 Tyr Arg Glu Ala Leu Asp Ile His Tyr Glu Asp Leu Ile Arg Arg Lys
 340 345 350
 50 Thr Asp Gly Ser Ser Lys Phe Ile Asn Gly Arg Glu Ile Asp Ala Val
 355 360 365
 55 Thr Asn Asp Ala Leu Ile Gln Ala Arg
 370 375
 <210> 139
 <211> 353
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> 730-C2
 <400> 139
 55 Met Ala Asp Leu Ala Gln Asp Pro Phe Ile Thr Asp Asn Ala Gln Arg
 1 5 10 15
 60 Gln His Tyr Glu Pro Gly Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Asp Pro Arg
 20 25 30
 65 Gly Ser Val Ser Asp Arg Thr Gly Lys Ile Asn Val Ile Gln Asp Tyr
 35 40 45
 70 Thr His Gln Met Gly Asn Leu Leu Ile Gln Gln Ala Asn Ile Asn Gly
 50 55 60

ES 2 281 409 T3

Thr Ile Gly Tyr His Thr Arg Phe Ser Gly His Gly His Glu Glu His
 65 70 75 80
 5 Ala Pro Phe Asp Asn His Ala Ala Asp Ser Ala Ser Glu Glu Lys Gly
 85 90 95
 10 Asn Val Asp Glu Gly Phe Thr Val Tyr Arg Leu Asn Trp Glu Gly His
 100 105 110
 15 Glu His His Pro Ala Asp Ala Tyr Asp Gly Pro Lys Gly Gly Asn Tyr
 115 120 125
 20 Pro Lys Pro Thr Gly Ala Arg Asp Glu Tyr Thr Tyr His Val Asn Gly
 130 135 140
 25 Thr Ala Arg Ser Ile Lys Leu Asn Pro Thr Asp Thr Arg Ser Ile Arg
 145 150 155 160
 30 Gln Arg Ile Ser Asp Asn Tyr Ser Asn Leu Gly Ser Asn Phe Ser Asp
 165 170 175
 35 Arg Ala Asp Glu Ala Asn Arg Lys Met Phe Glu His Asn Ala Lys Leu
 180 185 190
 40 Asp Arg Trp Gly Asn Ser Met Glu Phe Ile Asn Gly Val Ala Ala Gly
 195 200 205
 45 Ala Leu Asn Pro Phe Ile Ser Ala Gly Glu Ala Leu Gly Ile Gly Asp
 210 215 220
 50 Ile Leu Tyr Gly Thr Arg Tyr Ala Ile Asp Lys Ala Ala Met Arg Asn
 225 230 235 240
 55 Ile Ala Pro Leu Pro Ala Glu Gly Lys Phe Ala Val Ile Gly Gly Leu
 245 250 255
 60 Gly Ser Val Ala Gly Phe Glu Lys Asn Thr Arg Glu Ala Val Asp Arg
 260 265 270
 65 Trp Ile Gln Glu Asn Pro Asn Ala Ala Glu Thr Val Glu Ala Val Phe
 275 280 285
 70 Asn Val Ala Ala Ala Ala Lys Val Ala Lys Leu Ala Lys Ala Ala Lys
 290 295 300
 75 Pro Gly Lys Ala Ala Val Ser Gly Asp Phe Ala Asp Ser Tyr Lys Lys
 305 310 315 320
 80 Lys Leu Ala Leu Ser Asp Ser Ala Arg Gln Leu Tyr Gln Asn Ala Lys
 325 330 335
 85 Tyr Arg Gln Ala Leu Gly Lys Val Arg Ile Ser Gly Glu Ile Leu Leu
 340 345 350

Gly

- 60 <210> 140
- <211> 2019
- <212> ADN
- 65 <213> Secuencia artificial
- <220>

ES 2 281 409 T3

<223> ORF46.1-741

<400> 140

```

5      atgtcagatt tggcaaacga ttcttttata cggcagggtc tcgaccgtca gcatttcgaa 60
      cccgacggga aataccacct attcggcagc aggggggaac ttgccgagcg cagcggccat 120
      atcggattgg gaaaaataca aagccatcag ttgggcaacc tgatgattca acaggcggcc 180
      actaaaggaa atatcggcta cattgtccgc ttttcggatc acgggcacga agtccattcc 240
10     cccttcgaca accatgcctc acattccgat tctgatgaag ccggtagtcc cgttgacgga 300
      tttagccttt accgcataca ttgggacgga tacgaaccac atcccgccga cggctatgac 360
      gggccacagg gcgcgcgcta tcccgcctcc aaaggccgca gggatatata cagctacgac 420
      ataaaaggcg ttgcccaaaa tategcctc aacctgaccg acaaccgcag caccggacaa 480
      cggcttgccg accgtttcca caatgccggg agtatgctga cgcaaggagt aggcgacgga 540
15     ttcaaacggc ccacccgata cagcccgag ctggacagat cgggcaatgc cgccgaagcc 600
      ttcaacggca ctgcagatat cgttaaaaac atcatcggcg cggcaggaga aattgtcggc 660
      gcaggcgatg ccgtgcaggg cataagcgaa ggtcaaaca ttgctgtcat gcaoggettg 720
      ggtctgcttt ccaccgaaaa caagatggcg cgcataaagc atttggcaga tatggcgcaa 780
      ctcaaagact atgccgcagc agccatccgc gattgggcag tccaaaaccc caatgccgca 840
20     caaggcatag aagccgtcag caatatcttt atggcagcca tccccatcaa agggattgga 900
      gctgttcggg gaaaatacgg ctctgggcggc atcacggcac atcctatcaa gcggtcgcag 960
      atggggcgca tcgcattgcc gaaagggaaa tccgcctca gcgacaattt tgcgatgcy 1020
      gcatacgcga aatacccgtc ccttaccat tccgaaaata tccgttcaaa cttaggagcag 1080
      cgttacggca aagaaaacat cacctcctca accgtgcgcg cgtcaaacgg caaaaatgtc 1140
25     aaactggcag accaacgcga cccgaagaca yggylaccgt ttgacygtaa aggggttccg 1200
      aatthtqaga agcacytga atatgatagc ggtaccggag ggggtgggtg cgcgcgcac 1260
      atcgggtgcyg ggttgcgga tgcactaacc gcaacgctcg accataaaga naaggtttg 1320
      canctcttga cgtcggatca gtccgtcagg aaaaacgaga aactgaagct ggcggcaca 1380
      ggtgcggaaa aaacttatgg aaacgggtgac agctcaata cgggcaaat gaagaacgac 1440
30     aaggtcagcc gtttcgaact tatecgccaa atcgaagtgg acgggcagct cattaactg 1500
      gagagtgagg agttccagc atacaaaaca agccatccg ccttaaccgc ctttcagacc 1560
      gagcaaatac aagattcggg gcattccggg agatgggttg cgaaacgcca gttcagaate 1620
      ggcgacatac cggcgaada taccatcttt gacaagcttc ccgaaggcgg cagggcgaca 1680
35     tatecgggga cggcgttcgg ttcagacgat gcggcgggaa aactgaacct caccatagat 1740
      ttcgcgcgcc agcaggguaa cggcaaatc gaacatllga aategcacga actcaatgct 1800
      gacctggccc ccgcggatat caagccggat ggaaaacgca atgcgctcat cagcgggtcc 1860
      gtccttaca accaagcga gaaaggcagt tactcctcc gtatctttgg cggaaaagcc 1920
      caggaagtly ccggcaagc ggaagtgaac accgtlaaag gcatacgcga tateggcctt 1980
40     gccgccaaac aactcagca ccaccaccac caccactga
  
```

<210> 141

45 <211> 672

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

50 <220>

<223> ORF46.1-741

<400> 141

```

55      Met Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg
          1             5             10             15
  
```

60

65

ES 2 281 409 T3

Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg Gly
 20 25 30
 5 Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser
 35 40 45
 His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn
 50 55 60
 10 Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Glu Val His Ser
 65 70 75 80
 15 Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser
 85 90 95
 Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu
 100 105 110
 20 His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Pro
 115 120 125
 Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val
 130 135 140
 25 Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln
 145 150 155 160
 30 Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly
 165 170 175
 Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp
 180 185 190
 35 Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val
 195 200 205
 40 Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala
 210 215 220
 Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu
 225 230 235 240
 45 Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala
 245 250 255
 Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp
 260 265 270
 50 Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn
 275 280 285
 55 Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly
 290 295 300
 Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser Gln
 305 310 315 320

60

65

ES 2 281 409 T3

Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn
 325 330 335

5 Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg
 340 345 350

Asn Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr
 10 355 360 365

Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp
 370 375 380

15 Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro
 385 390 395 400

Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Gly Ser Gly Gly Gly Gly
 405 410 415

20 Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala Leu Thr Ala Pro
 420 425 430

Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Gln Ser Leu Thr Leu Asp Gln Ser
 25 435 440 445

Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln Gly Ala Glu Lys
 450 455 460

30 Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys Leu Lys Asn Asp
 465 470 475 480

Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu Val Asp Gly Gln
 485 490 495

35 Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr Lys Gln Ser His
 500 505 510

Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln Asp Ser Glu His
 40 515 520 525

Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile Gly Asp Ile Ala
 530 535 540

45 Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Gln Gly Gly Arg Ala Thr
 545 550 555 560

Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly Gly Lys Leu Thr
 565 570 575

50 Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly Lys Ile Gln His
 580 585 590

Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala Ala Asp Ile Lys
 55 595 600 605

Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser Val Leu Tyr Asn
 610 615 620

60 Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe Gly Gly Lys Ala
 625 630 635 640

Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val Asn Gly Ile Arg
 65 645 650 655

His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu His His His His His His
 660 665 670

ES 2 281 409 T3

<210> 142
 <211> 2421
 <212> ADN
 5 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> ORF46.1-961

10
 <400> 142

```

15      atgtcagatt tggcaaacga ttcttttate cggcagggtc tgcaccgtca gcatttcgaa    60
      cccgacggga aataccacct attcggcagc aggggggaac ttgccgagcg cagcggccat    120
      atcggattgg gaaaaataca aagccatcag ttgggcaacc tgatgattca acaggcggcc    180
      attaaaggaa atatcggeta cattgtccgc ttttccgata acgggcacga agtccattcc    240
      cccttcgaca accatgcctc acattccgat tctgataaag ccggtagtc cgttgacgga    300
      tttagccttt accgcataca ttgggacgga taegaacacc atcccgcga cggtatgac    360
20      gggccacagg gcggcggcta tcccgcctcc aaaggcgcga gggatatata cagctacgc    420
      ataaaaggcg ttgccaaaaa tatccgcctc aacctgaccg acaaccgcag caccggacaa    480
      cggcttgccg accgtttcca caatgccggt agtatgctga cgcaaggagt aggcgacgga    540
      ttcaaacggc ccaccggata cagccccgag ctggacagat cgggcaatgc cgcggaagcc    600
      ttcaacggca ctgcagatat cgttaaaaac atcatcggcg cggcaggaga aattgtcggc    660
25      gcaggcgatg ccgtgcaggy cataagcgaa ggctcaaaaa ttgctgtcat gcaccgcttg    720
      ggtctgcttt ccaccgaaaa caagatggcg cgcataaacg atttggcaga tatggcgcaa    780
      ctcaaaagat atgcccgcgc agccatccgc gatltggcag tccaaaaccc caatgccgca    840
      caaggcatag aagccgctag caatatcttt atggcagcca tcccatacaa agggattgga    900
      getgttcggg gaaaatacgg ctgtggggcg atcacggcac atcctatcaa gcggtcgcag    960
30      atgggcgcga tgcalttgcg gaaagggaaa tccgcctgca gcgacaattt tgcgatgag    1020
      gcatacggca aatacccgcg cccttaccat tccgaaaata tccgttcaaa ctggagcag    1080
      cgttacggca aagaaaacat cacctctctc accgtgcgcg cgtcaaacgg caaaaatgtc    1140
      aaactggcag accaacgcca cccgaagaca ggctaccgt ttgacggtaa agggtttccg    1200
      aatlttgaga agccggtgaa atatgatag ggatccggag gaggaggagc cacaaacgac    1260
35      gacgatgtta aaaaagctgc cactgtggcc atttcctgct cctacaacia tggccaagaa    1320
      atcaacgggt tcaaaagctg agagaccatc tangacattg atgaagcgg cacaaattac    1380
      aaaaaagacg caactgcagc cgtgtttgaa gccgacgact ttaaaggctc gggcttgaaa    1440
      aaagtctgta ctaacctgac caaaaccgtc aatgaaacaa aacaaaacgt cgttgccaaa    1500
      gtaaaagctg cagaatctga aatagaaaag ttaacaacca agttagcaga cactgatgcc    1560
40      gctttagcag atactgatgc cgtcttggtt gcaaccacca acgcttgaa taaattggga    1620
      gaaaatataa cgacatttgc tgaagagact aagacaata tcgtaaaaat tgatgaaaaa    1680
      ttagaagccg tggctgatac cgtcgacaag catccgaag cattedcaaga tatcggcat    1740
      tcaltgatg aaaccaacac taaggcagac gaagccgtca aaaccgcaa tgaagccaaa    1800
45      cagacggccg aagaaaccaa acaaacgctc gctgccaag taaaagctgc agaaactgca    1860
      gcaggcaaa gccaagctgc cgtcggcaca gctaatactg cagccgacaa ggcggaagct    1920
      gtcgctgcaa aagttaccga catcaaaact gatatcgtc cgaacaaaga taatattgct    1980
      aaaaaagcaa acagtgcgca cgtgtacacc agagaagagt ctgacagcaa atttgfcaga    2040
      attyatggtc tgaacgctac taaccgaaaa ttggacacac gcttggcttc tgetgaaaaa    2100
50      tccattgccc atcagcatc tgcctgaaac ggtttggata aaacagtgtc agacctgcgc    2160
      aaagaaaccg gccaaaggct tgcagaacaa cccgcctctc cgggtctgct caaacctac    2220
      aacgtcggtc ggttcgatgt aacggctgca gtcggcggct acaaatccga atggcgactc    2280

```

```

55      gccatcggta cggcttccg cttaacgaa aacthtgag caaagcagg cgtggcaglc    2340
      ggcattcgtc cgggttcttc ccgagctac catgtcggcg tcaattacga gttgctcag    2400
      caccaccacc accaccactg a

```

<210> 143
 60 <211> 806
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

65 <220>
 <223> ORF46.1-961

ES 2 281 409 T3

<400> 143

5 Met Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg
 1 5 10 15
 Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg Gly
 20 25 30
 10 Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser
 35 40 45
 His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn
 50 55 60
 15 Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Glu Val His Ser
 65 70 75 80
 20 Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser
 85 90 95
 Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu
 100 105 110
 25 His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Tyr Pro
 115 120 125
 Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val
 130 135 140
 30 Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln
 145 150 155 160
 35 Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly
 165 170 175
 Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp
 180 185 190
 40 Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val
 195 200 205
 45 Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala
 210 215 220
 Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu
 225 230 235 240

55

60

65

ES 2 281 409 T3

Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala
 245 250 255
 5 Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp
 260 265 270
 10 Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn
 275 280 285
 Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly
 290 295 300
 15 Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser Gln
 305 310 315 320
 20 Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn
 325 330 335
 Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg
 340 345 350
 25 Asn Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr
 355 360 365
 Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp
 370 375 380
 30 Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro
 385 390 395 400
 35 Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Gly Ser Gly Gly Gly Gly
 405 410 415
 Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala
 420 425 430
 40 Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu
 435 440 445
 Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala
 450 455 460
 45 Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys
 465 470 475 480
 50 Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn
 485 490 495
 Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr
 500 505 510
 55 Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala
 515 520 525
 60 Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr
 530 535 540

65

ES 2 281 409 T3

Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys
 545 550 555 560
 5 Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe Asn
 565 570 575
 10 Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala
 580 585 590
 Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln
 595 600 605
 15 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala
 610 615 620
 20 Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala
 625 630 635 640
 Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys
 645 650 655
 25 Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu
 660 665 670
 30 Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr
 675 680 685
 Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala Asp
 690 695 700
 35 His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu Arg
 705 710 715 720
 40 Lys Gln Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu
 725 730 735
 Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val Gly
 740 745 750
 45 Gly Tyr Lys Ser Gln Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg Phe
 755 760 765
 50 Thr Glu Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser Ser
 770 775 780
 Gly Ser Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp Leu Glu
 785 790 795 800
 55 His His His His His His
 805

- <210> 144
- 60 <211> 2256
- <212> ADN
- <213> Secuencia artificial
- 65 <220>
- <223> ORF46.1-961c

ES 2 281 409 T3

<400> 144

```

    atgtcagatt tggcaaacga ttcttttata cggcaggttc tgaaccgtca gcatttcgaa    60
    cccgacggga aataccacct attcggcagc aggggggaac ttgccgagcg cagcggccat    120
5   atcggattgg gaaaaataca aagccatcag ttgggcaacc tgatgattca acagggcgcc    180
    attaaaggaa atatcggtta cattgtccgc ttttccgate acgggcacga agtccattcc    240
    cccttcgaca accatgcctc acattccgat tctgatgaag cgggtagtcc cgttgacgga    300
    ttttagcctt accgcattca ttgggacgga tacgaacacc atcccgccga cggctatgac    360
10  gggccacagg gcggcggcta tcccgtccc aaaggcgcga gggatatata cagctacgac    420
    ataaaaggcg ttgcccnaaa tatccgcctc aacctgaccg acaaccgcag caccggacaa    480
    cggcttgccg accgtttcca caatgccggt agtatgetga cgcaaggagt agggcaccga    540
    ttcaaacggc ccaccggata cagccccgag ctggacagat cgggcaatgc cggcgaagcc    600
    ttcaacggca ctgcagatar cgttaaaaac atca tgggcg cggcaggaga aattgtccgc    660
15  gcaggcgatg cgtgacaggg cataegcgaa ggctcaaca ttgctgtcat gcacggcttg    720
    ggtctgcttt ccaccganaa caagatggcg cgcattcaacg atttggcaga tatggcgcaa    780
    ctcaaagact atgccgcagc agccatccgc gatitgggag tccaaaacc caatgccgca    840
    caaggcatag aagccgtcag caatatcttt attggcagcca tcccattcaa agggattgga    900
    gctgttcggg gaaaatcagg ctggggcgcc atcaaccgac atcctatcaa gcggtcgcag    960
20  atggggcgca tgcatttgcg gaaagggaaa tccgcctgca ggcacaattt tgcctatgag    1020
    gcatacggca aataccctgc ccttaccat tcccgaata tccgttcaa ctgggagcag    1080
    cgttacggca aagaaaacat cacctcctca accgtgccgc cgtcaaacgg caaaaatgtc    1140
    aaactggcag accaacgcca ccogaagaca ggcgtaccgt ttgacggtaa agggtttcgg    1200
    aattttgaga agcaccgtga atatgatacg ggatccggag gaggaggagc cacaaccgac    1260
25  gacgatghta aaaaagctgc caatgtggc attgtgctg cctacacaa tggccaagaa    1320
    atcaaccggt tcaaaagctg agagaccatc tacyacattg atyaagcgg cacaattacc    1380
    aaaaagacy caactgcagc cgtatgtgaa gcgcagact ttaaaggctt gggctcgaaa    1440
    aaagtctgta ctaacctgac caaaaccgtc aatgaaaaca acaaaaact ccatgccaac    1500
    gnaaaagctg cagaatctua aatagaaaag ttaacnaaca agttagcaga cactgatgac    1560
30  ccttttagcag ataactgatg cgtctctggat gcaaccacca acgccttgaa tuaattggga    1620
    gaaaatataa cgcatttnc tgaagagact aagacanaaa tcytaaaaat tcatgaaaa    1680
    ttagaagcgg tggctgatac cgtcgacaag cctggcgaag cattedaaca tatcgccgat    1740
    tcatbtgatg aaaccaacac taagcagac gaagccgtca aaaccgcaa tgaagccaa    1800
35  cagacggcgg aagaaccaca acaaaacgtc gatgccaag taaaagctgc aqaaactgca    1860
    gcagcnaaag cngaaagctgc cgttgccaca gctaatctg cagccgaca ggcgcaagct    1920
    gtctctgcaa aaghtaccca catcaaaagc gatctcgtta cgaacauaya taatattgct    1980
    aaaaagcaa acagtgcgga cgtgtacacc agagaagagt ctgacagcaa atktgtcaga    2040
    attgatggtc tgaacgttac taccgaaaaa ttggacacac gcttggcttc tgcigaaaaa    2100
    tccatctgccc atcaactaac tccctgaaac cgtttcgaata aaacagtttc agaccagcc    2160
40  aaagaaacc gcdaaggctt tgcagacaaa gcgcgcctct cgggtctggt caaaccttac    2220
    aacgtgggct tgcagacaaa caaacacac caatgaa    2286
  
```

<210> 145

45 <211> 751

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

50 <220>

<223> ORF46.1-961c

<400> 145

55

Met Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg
 1 5 10 15

60

Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg Gly
 20 25 30

65

ES 2 281 409 T3

Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser
 35 40 45
 5 His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn
 50 55 60
 10 Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Glu Val His Ser
 65 70 75 80
 15 Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser
 85 90 95
 20 Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu
 100 105 110
 25 His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Tyr Pro
 115 120 125
 30 Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val
 130 135 140
 35 Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln
 145 150 155 160
 40 Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly
 165 170 175
 45 Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp
 180 185 190
 50 Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val
 195 200 205
 55 Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala
 210 215 220
 60 Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu
 225 230 235 240
 65 Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala
 245 250 255
 Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp
 260 265 270
 Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn
 275 280 285
 Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly
 290 295 300
 Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser Gln
 305 310 315 320
 Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn
 325 330 335

ES 2 281 409 T3

Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg
 340 345 350
 5 Asn Ile Arg Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr
 355 360 365
 Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp
 370 375 380
 10 Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro
 385 390 395 400
 15 Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Gly Ser Gly Gly Gly Gly
 405 410 415
 Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala
 420 425 430
 20 Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu
 435 440 445
 Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala
 450 455 460
 25 Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys
 465 470 475 480
 30 Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn
 485 490 495
 Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr
 500 505 510
 35 Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala
 515 520 525
 40 Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr
 530 535 540
 Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys
 545 550 555 560
 45 Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe Asn
 565 570 575
 Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala
 580 585 590
 50 Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln
 595 600 605
 55 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala
 610 615 620
 Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala
 625 630 635 640

60

65

ES 2 281 409 T3

Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys
 645 650 655
 5 Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu
 660 665 670
 10 Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr
 675 680 685
 Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala Asp
 690 695 700
 15 His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu Arg
 705 710 715 720
 20 Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu
 725 730 735
 Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Leu Glu His His His His His His
 740 745 750

25 <210> 146
 <211> 2421
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 30
 <220>
 <223> 961-ORF46.1

35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

ES 2 281 409 T3

<400> 146

	atggccacaa	acgacgacga	tgtaaaaaa	gctggccactg	tggccattgc	tgctgcctac	60
	aacaatggcc	aaagaaatcaa	cggtttcaaa	gctggagaga	ccatctacga	cattgatgaa	120
5	gacggcacia	ttaccaaaaa	agacgcaact	gcagccgatg	ttgaagccga	cgactttaaa	180
	ggtctgggtc	tgaaaaaagt	cgtgactaac	ctgacaaaa	ccgtcaatga	aaacaaacia	240
	aacgtcgatg	ccaaagtaaa	agctgcagaa	tctgaatatg	aaaagttaac	aaccaagtta	300
	gcagacactg	atgccgcttt	agcagatact	gatgccgctc	tggatgcaac	caccaacgcc	360
	ttgaataaat	tgaggaaaa	tataacgaca	tttgctgaa	agactaagac	aaatatcgta	420
10	aaaattgatg	aaaaattaga	agccgtggct	gataccgtcg	acaagcatgc	cgaagcattc	480
	aacgatatcg	ccgattcatt	ggatgaaacc	aacactaagg	cagacggaagc	cgtaaaaacc	540
	gccaatgaag	ccaaacagac	ggccgaagaa	accaaacaaa	acgtcgtatg	caaagtaaaa	600
	gtgcagaaa	atgcagcagg	caaagccgaa	gctgccgctg	gcacagctaa	tactgcagcc	660
	gacaaggccg	aagctgtcgc	tgcaaaaagt	accgacatca	aagctgatat	cgctacgaa	720
15	aaagataata	ttgctaahaa	agcaaacagt	gccgacgtgt	acaccagaga	agagtctgac	780
	agcaaatctg	tcagaattga	tggctctgaa	gctactaccg	aaaaattgga	cacacgcttg	840
	gcttctgctg	aaaaatccat	tgccgatcac	gatactcgcc	tgaacggttt	ggataaagaa	900
	gtgtcagacc	tcgcgaaaga	aaccgcgcaa	ggccttgca	aaacagccgc	gctctccggt	960
	ctgttccaac	cttacaacgt	gggtcggctc	aatgtaacgg	ctgcagtcgg	cggtacaaa	1020
20	tccgaatcgg	cagtccgcat	cggtaccggc	ttccgcttta	ccgaaaactt	tgccgccaaa	1080
	gcagggctgg	cagtccggac	ttcgtccggt	tcttcgcag	cctaccatgt	cggcgtcaat	1140
	tacgagtggg	gatccyggag	aggaggatca	gatttggcaa	acgattcttt	tatccggcag	1200
	gttctcgacc	gtcagcattt	cgaaccgcac	gggaaatacc	acctattcgg	cagcaggggg	1260
	gaacttgccg	agcgcagcgg	ccatatcgga	ttgggaaaa	tacaaagcca	tcagtctggc	1320
25	aacctgatga	tccaacaggc	ggccattaaa	ggaatatcg	gtacattgt	ccgctttcc	1380
	gatcacgggc	acgaagteca	ttcccccttc	gacaaccatg	cctcacatc	cgattctgat	1440
	gaagccggtg	gtcccgctga	cggattttagc	ctttaccgca	tccattggga	cggatagcaa	1500
	caccatcccg	ccgacggcta	tgacgggcca	cagggcggcg	qctatccgc	tccaaaaggc	1560
30							
	gcgagggata	tatacagcta	cgacataaaa	ggcgttgcen	aaaatatecg	cctcaactcg	1620
	accgacaacc	gcagcaccgg	acaacggctt	ggcagccgtt	tccacaatgc	cggtagtatg	1680
35	ctgacgcaag	gagtaggcga	cggattcaaa	cgccgcaccc	gatacagccc	cgagctggac	1740
	agatcgggca	atgcgcgcca	agccttcaac	ggcactgcag	ctatcgttaa	aaacalcate	1800
	ggcgcggcag	gagaaattgt	cggcgcaggc	gatgccgtgc	agggcataag	cgaaggctca	1860
	aacattgctg	tcatgcacgg	cttgggtctg	ctttccaccg	aaaacaagat	ggcgcgcatc	1920
	aaagatttgg	cagatatgcc	gcaactcaaa	gaactatgcc	cagcagccat	ccgggatctg	1980
40	gcagtcacaaa	accccattgc	cgcacaaggc	atagangccg	tcagcaatal	ctttatggca	2040
	gccatcccc	tcaaaagggat	tygagctgtt	cggggaaaa	acggcttggg	cggcatalcc	2100
	gcacatecta	tcaagcggte	gcagatgggc	gcgatccgat	tgcggaaagg	gaaatccgcc	2160
	gtcagcagaa	atlttgcgga	tgcggcatal	gcaaaatacc	cgteccctta	ccattccgga	2220
	aatatecgtt	caaaacttgg	gcagcgttac	gycaaaagaa	acataacctc	ctcaaccgtg	2280
45	ccgcgctcaa	acggcaaaaa	tgtcaactg	gcagaccac	gccaccgaa	gcagggccta	2340
	ccgtttgacc	gtaaagggtt	tccgaatttt	gagaagcag	tgaabatatga	tacgctcgag	2400
	caccaccacc	accaccactg	a				2421

<210> 147

50 <211> 806

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

55 <220>

<223> 961-ORF46.1

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 147

5 Met Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
 1 5 10 15
 Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly
 20 25 30
 10 Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
 35 40 45
 Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
 50 55 60
 15 Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
 65 70 75 80
 20 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
 85 90 95
 Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
 100 105 110
 25 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
 115 120 125
 30 Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 130 135 140
 Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 145 150 155 160
 35 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 165 170 175

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 180 185 190

5 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 195 200 205

Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 210 215 220

10 Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 225 230 235 240

15 Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 245 250 255

Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 260 265 270

20 Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 275 280 285

25 Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu
 290 295 300

Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly
 305 310 315 320

30 Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val
 325 330 335

Gly Gly Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg
 340 345 350

35 Phe Thr Glu Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser
 355 360 365

40 Ser Gly Ser Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp Gly
 370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln
 385 390 395 400

45 Val Leu Asp Arg Gln His Phe Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe
 405 410 415

Gly Ser Arg Gly Glu Leu Ala Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly
 420 425 430

50 Lys Ile Gln Ser His Gln Leu Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala
 435 440 445

55 Ile Lys Gly Asn Ile Gly Tyr Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His
 450 455 460

Glu Val His Ser Pro Phe Asp Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp
 465 470 475 480

60

65

ES 2 281 409 T3

Glu Ala Gly Ser Pro Val Asp Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp
 485 490 495
 5 Asp Gly Tyr Glu His His Pro Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly
 500 505 510
 10 Gly Gly Tyr Pro Ala Pro Lys Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp
 515 520 525
 15 Ile Lys Gly Val Ala Gln Asn Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg
 530 535 540
 20 Ser Thr Gly Gln Arg Leu Ala Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met
 545 550 555 560
 25 Leu Thr Gln Gly Val Gly Asp Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser
 565 570 575
 30 Pro Glu Leu Asp Arg Ser Gly Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr
 580 585 590
 35 Ala Asp Ile Val Lys Asn Ile Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly
 595 600 605
 40 Ala Gly Asp Ala Val Gln Gly Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val
 610 615 620
 45 Met His Gly Leu Gly Leu Leu Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile
 625 630 635 640
 50 Asn Asp Leu Ala Asp Met Ala Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala
 645 650 655
 55 Ile Arg Asp Trp Ala Val Gln Asn Pro Asn Ala Ala Gln Gly Ile Glu
 660 665 670
 60 Ala Val Ser Asn Ile Phe Met Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly
 675 680 685
 65 Ala Val Arg Gly Lys Tyr Gly Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile
 690 695 700
 70 Lys Arg Ser Gln Met Gly Ala Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala
 705 710 715 720
 75 Val Ser Asp Asn Phe Ala Asp Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro
 725 730 735
 80 Tyr His Ser Arg Asn Ile Arg Ser Asn Leu Gln Gln Arg Tyr Gly Lys
 740 745 750
 85 Glu Asn Ile Thr Ser Ser Thr Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val
 755 760 765
 90 Lys Leu Ala Asp Gln Arg His Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly
 770 775 780

ES 2 281 409 T3

Lys Gly Phe Pro Asn Phe Glu Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Leu Glu
 785 790 795 800

5 His His His His His His
 805

- <210> 148
- 10 <211> 1938
- <212> ADN
- <213> Secuencia artificial
- 15 <220>
- <223> 961-741
- 20 <400> 148

25	atggccacaa	acgacgacga	tgtaaaaaa	gctgccactg	tggccattgc	tgctgectac	60
	aacaatggcc	aagaaatcaa	cggttrcaaa	gctggagaga	ccatctacga	cattgatgaa	120
	gacggcacia	ttaccaaaaa	agacgcaact	gcagccgatg	ttgaagccga	cgactttaaa	180
25	ggtctgggtc	tgaaaaaagl	cgtgactaac	ctgaccaaaa	ccgtcaatga	aaacaaacaa	240
	aacgtcgatg	ccaaagtaaa	agctgcagaa	tctgaaatag	aaaagttaac	aaccaagtta	300
	gcagacactg	atgccgcttt	agcagatact	gatgccgctc	tggatgcaac	caccaacgcc	360
	ttgaataaat	tgggagaaaa	tataacgaca	tttgcctgag	agactaagac	aaatatcgta	420
	aaaatcgatg	aaaaattaga	agccgtggct	gataccgctc	acaagcatgc	cgaagcattc	480
30	aacgatatcg	ccgattcatt	ggatgaaacc	aacactaagg	ragacgaagc	cgtaaaaaac	540
	gccaatgaag	ccaaacagac	ggcgaagaa	acnaaacaaa	acgtcgatgc	caaagtaaaa	600
	gctgcagaaa	ctgcagcagg	caaaagccga	gctgccgctg	gcacagctaa	tactgcagcc	660
	gacaaaggcc	aagctgtcgc	tgcaaaagtt	accgacatca	aagctgatat	cgctacgaac	720
	aaagataata	ttgctaaaaa	agcaaacagt	gccgacgtgt	acaccagaga	agagtctgac	780
35	agcaaatctg	tcagaattga	tggtctgaa	gctactaccg	aaaaattgga	ccaccgcttg	840
	gctctcgctg	aaaaatccat	tgcgatcac	gatactcacc	tgaacgggtt	ggataaaca	900
	gtgtcagacc	tgcgcaaaqa	aaaccgcca	ggccttgcag	aacaaagccc	gctctccggt	960
	ctgttccaac	cttacaacgt	gggtccggtc	aatgtaacgg	ctgcagtcgg	cggtacaaa	1020
40	tcgaatcgg	cagtcgccat	cggtaccgga	ttccgcttca	ccgaaaactt	tgcgccaac	1080
	gcagcgctgg	cagtcggcac	ttcgtccggt	tcttcggcag	ctaccatgt	cgcgctcaat	1140
	tacgagtggg	gatccggagg	gggtgggtgc	gcggccgaca	tcggtccggg	gcttccgat	1200
	gcactaacgg	caccgcctga	ccataaagac	aaaggcttgg	agctcttga	gctggatcag	1260
	tcgctcagga	aaaacgagaa	actgaagctg	gcggcacaag	gtgcgggaaa	aacttatgga	1320
45	aacggtgaca	ccctcaatac	yggcaauttg	aagaacgaca	aggtcagccg	tttcgacttt	1380
	atccgccaac	tcgaagtggg	gggcaagctc	attacccttg	agagtggaga	gttccaaqta	1440
	tacaaacaaa	gccattccgc	cttaaccgcc	tttcagaccg	agcaahaca	ngatlcggag	1500
	cattccggga	agatggttgc	gaaacgcccag	ttcagaatcg	gcgacatayc	ggcggaacat	1560
	acatcttttg	acaagcttcc	cgaagcgggc	agggcgacat	atccgcgggac	ggcgttcgggt	1620
50	tcagacgatg	ccggcggaac	actgacctac	accataqatt	tcgcccgcac	gcagggaaac	1680
	ggcaaaatcg	aacatttgaa	atgccagaaa	ctcaatgtcg	acntggccgc	cgccgatata	1740
	aagccggatg	gaaaacgccc	tgcgctcacc	agcgggtccc	tcctttacaa	ccaaagccgag	1800
	aaaggcagtl	actccctcgg	tatctttggc	ggaaaagccc	aggaagttgc	cggcagccgc	1860
	gaagtqaaa	ccgtaaacgg	cataccgcat	atccgcccctg	ccgccaagca	actcagagac	1920
55	caccacacc	accactga					1938

- <210> 149
- 60 <211> 649
- <212> PRT
- <213> Secuencia artificial
- 65 <220>
- <223> 961-741

ES 2 281 409 T3

<400> 149

5 Met Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
 1 5 10 15

Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly
 20 25 30

10 Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
 35 40 45

Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
 50 55 60

15 Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
 65 70 75 80

20 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
 85 90 95

Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
 100 105 110

25 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
 115 120 125

30 Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 130 135 140

Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 145 150 155 160

35 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 165 170 175

40 Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 180 185 190

Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 195 200 205

45 Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 210 215 220

Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 225 230 235 240

Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 245 250 255

55 Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 260 265 270

Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 275 280 285

60 Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu

65

ES 2 281 409 T3

	290		295		300														
5	Arg	Lys	Glu	Thr	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Glu	Gln	Ala	Ala	Leu	Ser	Gly			
	305					310					315					320			
	Leu	Phe	Gln	Pro	Tyr	Asn	Val	Gly	Arg	Phe	Asn	Val	Thr	Ala	Ala	Val			
					325					330						335			
10	Gly	Gly	Tyr	Lys	Ser	Glu	Ser	Ala	Val	Ala	Ile	Gly	Thr	Gly	Phe	Arg			
				340					345					350					
	Phe	Thr	Glu	Asn	Phe	Ala	Ala	Lys	Ala	Gly	Val	Ala	Val	Gly	Thr	Ser			
15			355					360					365						
	Ser	Gly	Ser	Ser	Ala	Ala	Tyr	His	Val	Gly	Val	Asn	Tyr	Glu	Trp	Gly			
		370					375					380							
20	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Val	Ala	Ala	Asp	Ile	Gly	Ala	Gly	Leu	Ala	Asp			
	385					390					395					400			
	Ala	Leu	Thr	Ala	Pro	Leu	Asp	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Leu	Gln	Ser	Leu			
				405						410					415				
25	Thr	Leu	Asp	Gln	Ser	Val	Arg	Lys	Asn	Glu	Lys	Leu	Lys	Leu	Ala	Ala			
				420					425					430					
	Gln	Gly	Ala	Glu	Lys	Thr	Tyr	Gly	Asn	Gly	Asp	Ser	Leu	Asn	Thr	Gly			
			435					440					445						
30	Lys	Leu	Lys	Asn	Asp	Lys	Val	Ser	Arg	Phe	Asp	Phe	Ile	Arg	Gln	Ile			
		450				455						460							
35	Glu	Val	Asp	Gly	Gln	Leu	Ile	Thr	Leu	Glu	Ser	Gly	Glu	Phe	Gln	Val			
	465					470					475					480			
	Tyr	Lys	Gln	Ser	His	Ser	Ala	Leu	Thr	Ala	Phe	Gln	Thr	Glu	Gln	Ile			
				485						490					495				
40	Gln	Asp	Ser	Gln	His	Ser	Gly	Lys	Met	Val	Ala	Lys	Arg	Gln	Phe	Arg			
			500						505					510					
	Ile	Gly	Asp	Ile	Ala	Gly	Gln	His	Thr	Ser	Phe	Asp	Lys	Leu	Pro	Gln			
			515					520					525						
45	Gly	Gly	Arg	Ala	Thr	Tyr	Arg	Gly	Thr	Ala	Phe	Gly	Ser	Asp	Asp	Ala			
			530				535						540						
	Gly	Gly	Lys	Leu	Thr	Tyr	Thr	Ile	Asp	Phe	Ala	Ala	Lys	Gln	Gly	Asn			
50						550					555					560			
	Gly	Lys	Ile	Glu	His	Leu	Lys	Ser	Pro	Gln	Leu	Asn	Val	Asp	Leu	Ala			
				565						570					575				
55	Ala	Ala	Asp	Ile	Lys	Pro	Asp	Gly	Lys	Arg	His	Ala	Val	Ile	Ser	Gly			
			580						585					590					
	Ser	Val	Leu	Tyr	Asn	Gln	Ala	Gln	Lys	Gly	Ser	Tyr	Ser	Leu	Gly	Ile			

60

65

ES 2 281 409 T3

595 600 605

Phe Gly Gly Lys Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr
610 615 620

Val Asn Gly Ile Arg His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu His
625 630 635 640

10 His His His His His
645

15 <210> 150
<211> 4335
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

20 <220>
<223> 961-983

25 <400> 150

atggccacaa acgacgacga tgttaaaaaa gctgcccactg tggccattgc tgctgcctac 60
aacaatggcc aagaatcaa cggtttcaaa gctggagaga ccatctacga cattgatgaa 120
30 gacggcacia ttaccaaaaa agacgcaact gcagccgatg ttgaagccga cgactttaa 180
ggtctgggtc tgaaaaaagt cgtgactaac ctgaccaaaa cgtcaatga aaacaaacaa 240
aacgtcgatg ccaaagttaa agctgcagaa tctgaaatag aaaagttaac aaccaagtta 300
gcagacactg atgccgcttt agcagatact gatgccgctc tggatgcaac caccaacgcc 360
ttgaataaat tgggagaaaa tataacgaca tttgctgaag agactaagac aaatatcgtt 420
35 aaaattgatg aaaaattaga agccgtggct gataccgtcg acaagcatgc cgaagcattc 480
aacgatatcg ccgattcatt ggatgaaacc aacactaagg cagacgaagc cgtcaaaacc 540
gccaatgaag ccaaacagac ggccgaagaa accaaacaaa acgtcgatgc caaagtaaaa 600
gctgcagaaa ctgcagcagg caaagccgaa gctgcgctg gcacagctaa tactgcagcc 660
gacaaggccg aagctgtcgc tgcataaagt accgacatca aagctgatc cgctacgaac 720
40 aaagataata ttgctaaaaa agcaaacagt gccgacgtgt acaccagaga agagtctgac 780
agcaaatctg tcagaattga tggctctgaa gc tactaccg aaaaattgga cacacgcttg 840
gcttctgctg aaaaatccat tgccgatcac gatactcgcc tgaacggttt ggataaaaca 900
gtgtcagacc tgcgcaaaaga aaccgcgcaa ggccttgacg aacaagccgc gctctcgggt 960
ctgttccaac cttacaacgt gggctcggctc aatgtaacgg ctgcagtcgg cggctacaaa 1020
45 tccgaatcgg cagtcgccat cggtaccggc ttccgcttta ccgaaaactt tgccgcaaaa 1080
gcaggcgtgg cagtcggcac ttctcgggt tcttccgacg cctaccatgt cggcgtcaat 1140
tacgagtggt gatccggcgg aggcggcaact tctgcgcccg acttcaatgc aggcggtacc 1200
ggtateggca gcaacagcag agcaacaaca gcgaaatcag cagcagtatc ttacyccggt 1260
atcaagaacg aaatgtgcaa agacagaagc atgctctgtg ccggtcggga tgacgttgcg 1320
50 gttacagaca gggatgccaa aatcaatgcc cccccccgga atctgcatac cggagacttt 1380
ccaaacccaa atgacgcata caagaatttg atcaacctca aaectgcaat tgaagcagcc 1440
tatacaggac gcggggtaga ggtaggtatc ctgcacacag gcgaaatccgt cggcagcata 1500
tcccttcccg aactgtatgg cagaaaagaa cacggctata acgaaaatta caaaaactat 1560
acggcgtata tgcggaagga agcgcctgaa gacggaggcg gtaagacat tgaagctct 1620
55 ttcgacgatg aggccttat agagactgaa gcaaaagccg cggatatccg ccacgtaaaa 1680
gaaatcggac acatcgattt ggtctcccat attattggcg ggcgttccgt ggacggcaga 1740
cctgcaggcg gtattgcgcc cgatgcgacg ctacacataa tgaatacgaa tgatgaaacc 1800
agaacgaaa tgaatggttc agccatccgc aatgcatggg tcaagctggg cgaacgtggt 1860
gtgcgcatcg tcaataacag ttttgaaca acatcgaggg caggcactgc cgacctttc 1920
60 caaalagcca attcggagga gcaglacccg caagcgttgc tcgactatc cggcggtgat 1980
aaaacagacg agggtatccg cctgatgcaa cagagcgatt acqqaacct gtctaccac 2040
atcoghaata aaaacatgct tttcatcttt tcgacagcca atgacgcaca agctcagccc 2100
aacacatag cccatattgc attttatgaa aaagacgctc aacaaggcat talcucagtc 2160
65 gcgggcttag accgcagtgg agaaaagttc aaacgggaaa tqtatggaga accgggtaca 2220

ES 2 281 409 T3

5
10
15
20
25
30
35
40

```

gaaccgcttg agtatggctc caaccattgc ggaattactg ccatgtgggtg cctgtcggca 2280
ccctatgaag caagcgtccg ttccaccogt acaaaccoga ttcaaattgc cggaacatcc 2340
ttttccgcac ccatacgtaac cggcacggcg gctctgctgc tgcagaaata cccgtggatg 2400
agcaacgaca acctgcgtac cacgttgctg acgacggctc aggacatcgg tgcagtcggc 2460
gtggacagca agttcggctg gggactgctg gatgcgggta aggccatgaa cggaccocgg 2520
tcctttccgt tcggcgactt taccgccgat acgaaaggta catccgatat tgctactcc 2580
ttccgtaacg acatttcagg cacgggcggc ctgatcaaaa aaggcggcag ccaactgcaa 2640
ctgcacggca acaaacocca tacgggcaaa accattatcg aaggcgggtc gctgggtgtg 2700
tacggcaaca acaaatcgga tatgcgcgct gaaccaaag gtgcgctgat ttataacggg 2760
gcggcacccg gcggcagcct gaacagcgac ggcattgtct atctggcaga taccgaccaa 2820
tccggcgcaa acgaaaccgt acacatcaaa ggcagtcctg agctggacgg caaaggtagc 2880
ctgtacacac gtttgggcaa actgctgaaa gtggacggta cggcgattat cggcggcaag 2940
ctgtacacac gggcacggcg caagggggca ggctatctca acagtaccgg acgaggtgtt 3000
cccttccgtg gtgccgcaa aatcggggcag gattattctt tcttcacaaa catcgaaacc 3060
gacggcggcc tgctggcttc cctcgacagc gtcgaaaaaa cagcgggcag tgaaggcgac 3120
acgctgtcct attatgtccg tccgggcaat gcggcacgga ctgcttcggc agcggcacat 3180
tccgcgcccg ccggctctgaa acacggccta gaacagggcg gcagcaatct ggaaaacctg 3240
atggctgaac tggatgcctc cgaatcatcc gcaacacccg agacggttga aactgcggca 3300
gccgaccgca cagatatgcc gggcatccgc cctacggcg caactttccg cgcagcggca 3360
gccgtacagc atgccaatgc cggcagcggc gtaacgctct tcaacagctc cgcgcctacc 3420
gtctatgccg acagtaccgc cggccatgcc gat atgcagg gacgccgect gaaagccgta 3480
tcggacgggt tggaccacaa cggcacgggt ctgcgcgca cgcgcgcaac ccaacaggac 3540
gtcggaacgt gggaacaggg cgggtgtgaa ggc aaaatgc gcggcagtac ccaaaccgtc 3600
ggcattgccg cgaaaaccgg cgaaaatacg acagcagccg ccacactggg catgggagcg 3660
ngcacatgga gcgaaaacag tgcaaatgca aaaaccgaca gcattagtct gtttgcaggc 3720
ataccggcac atgcggggca tatcggctat ctcaaaaggcc tgttctccta cggacgctac 3780
aaaaacagca tcugcccgag caccgggtgc gacgaacatg cgggaaggcag cgtcaaccggc 3840
acgctgatgc agctgggcyt actgggcygt gtaacgctc cgtttgccc caccgggagat 3900
ttqacggctg aaggcggctc gcgctacgac ctgctcaaac aggatgcatt cgcggaaaaa 3960
ggcagtgctt tgggctggag cggcaacagc ctcaactgaag gcacgctggc cggactcgcg 4020
ggtctgaagc tgtecgcaacc cttgagcgat aaagccgctc tgtttgcaac ggcgggcgctg 4080
gaacgggacc tgaacggacy cgactacacy gtaacggcg gctttaccy cgcgactgca 4140
gcaaccggca agaaccgggc acgcaatag ccgcacaccc gctctggctg cggcctgggc 4200
gcggatgtcg aatccggcaa cggctggaac gctctggca gttacageta cgcgggttc 4260
aaacagtagc gcaaccacag cggacgagtc ggcgtaggct accggttcct cggaccacc 4320
caccaccacc actga 4335

```

<210> 151

<211> 1444

45 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

50 <223> 961-983

<400> 151

55 Met Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
1 5 10 15

Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly
20 25 30

60 Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
35 40 45

65 Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
50 55 60

ES 2 281 409 T3

Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
 65 70 75 80
 5 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
 85 90 95
 Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
 100 105 110
 10 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
 115 120 125
 Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 130 135 140
 15 Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 145 150 155 160
 20 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 165 170 175
 Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 180 185 190
 25 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 195 200 205
 Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 210 215 220
 Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 225 230 235 240
 35 Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 245 250 255
 40 Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 260 265 270
 Thr Gln Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 275 280 285
 45 Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu
 290 295 300
 Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly
 305 310 315 320
 50 Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Arg Phe Asn Val Thr Ala Ala Val
 325 330 335
 Gly Gly Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Val Ala Ile Gly Thr Gly Phe Arg
 340 345 350
 55 Phe Thr Glu Asn Phe Ala Ala Lys Ala Gly Val Ala Val Gly Thr Ser
 355 360 365
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Ser Gly Ser Ser Ala Ala Tyr His Val Gly Val Asn Tyr Glu Trp Gly
 370 375 380
 5 Ser Gly Gly Gly Gly Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr
 385 390 395 400
 10 Gly Ile Gly Ser Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val
 405 410 415
 15 Ser Tyr Ala Gly Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu
 420 425 430
 20 Cys Ala Gly Arg Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile
 435 440 445
 25 Asn Ala Pro Pro Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn
 450 455 460
 30 Asp Ala Tyr Lys Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly
 465 470 475 480
 35 Tyr Thr Gly Arg Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser
 485 490 495
 40 Val Gly Ser Ile Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly
 500 505 510
 45 Tyr Asn Glu Asn Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala
 515 520 525
 50 Pro Glu Asp Gly Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu
 530 535 540
 55 Ala Val Ile Glu Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys
 545 550 555 560
 60 Glu Ile Gly His Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser
 565 570 575
 65 Val Asp Gly Arg Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His
 580 585 590
 70 Ile Met Asn Thr Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala
 595 600 605
 75 Ile Arg Asn Ala Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val
 610 615 620
 80 Asn Asn Ser Phe Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe
 625 630 635 640
 85 Gln Ile Ala Asn Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr
 645 650 655
 90 Ser Gly Gly Asp Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser
 660 665 670
 95

ES 2 281 409 T3

Asp Tyr Gly Asn Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe
 675 680 685
 5 Ile Phe Ser Thr Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala
 690 695 700
 Leu Leu Pro Phe Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val
 705 710 715 720
 10 Ala Gly Val Asp Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly
 725 730 735
 Glu Pro Gly Thr Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile
 740 745 750
 15 Thr Ala Met Trp Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe
 755 760 765
 20 Thr Arg Thr Asn Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro
 770 775 780
 Ile Val Thr Gly Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met
 785 790 795 800
 25 Ser Asn Asp Asn Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile
 805 810 815
 Gly Ala Val Gly Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala
 820 825 830
 30 Gly Lys Ala Met Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr
 835 840 845
 35 Ala Asp Thr Lys Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp
 850 855 860
 Ile Ser Gly Thr Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln
 865 870 875 880
 40 Leu His Gly Asn Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Glu Gly Gly
 885 890 895
 Ser Leu Val Leu Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr
 900 905 910
 45 Lys Gly Ala Leu Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn
 915 920 925
 50 Ser Asp Gly Ile Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn
 930 935 940
 Gln Thr Val His Ile Lys Gly Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr
 945 950 955 960
 55 Leu Tyr Thr Arg Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile
 965 970 975

60

65

ES 2 281 409 T3

Ile Gly Gly Lys Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr
 980 985 990
 5 Leu Asn Ser Thr Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile
 995 1000 1005
 Gly Gln Asp Tyr Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu
 1010 1015 1020
 10 Leu Ala Ser Leu Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp
 1025 1030 1035 1040
 Thr Leu Ser Tyr Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser
 1045 1050 1055
 15 Ala Ala Ala His Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln
 1060 1065 1070
 20 Gly Gly Ser Asn Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu
 1075 1080 1085
 Ser Ser Ala Thr Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr
 1090 1095 1100
 25 Asp Met Pro Gly Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala
 1105 1110 1115 1120
 Ala Val Gln His Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser
 1125 1130 1135
 30 Leu Ala Ala Thr Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met
 1140 1145 1150
 35 Gln Gly Arg Arg Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly
 1155 1160 1165
 Thr Gly Leu Arg Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp
 1170 1175 1180
 40 Glu Gln Gly Gly Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val
 1185 1190 1195 1200
 Gly Ile Ala Ala Lys Thr Gly Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu
 1205 1210 1215
 45 Gly Met Gly Arg Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr
 1220 1225 1230
 Asp Ser Ile Ser Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile
 1235 1240 1245
 50 Gly Tyr Leu Lys Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile
 1250 1255 1260
 55 Ser Arg Ser Thr Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly
 1265 1270 1275 1280
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Thr Leu Met Gln Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala
 1285 1290 1295
 5 Ala Thr Gly Asp Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu
 1300 1305 1310
 10 Lys Gln Asp Ala Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly
 1315 1320 1325
 Asn Ser Leu Thr Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu
 1330 1335 1340
 15 Ser Gln Pro Leu Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val
 1345 1350 1355 1360
 20 Glu Arg Asp Leu Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr
 1365 1370 1375
 Gly Ala Thr Ala Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His
 1380 1385 1390
 25 Thr Arg Leu Val Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly
 1395 1400 1405
 30 Trp Asn Gly Leu Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly
 1410 1415 1420
 Asn His Ser Gly Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe Leu Glu His His
 1425 1430 1435 1440
 35 His His His His

<210> 152

<211> 2256

40 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

45 <223> 961c-ORF46.1

<400> 152

50 atggccacaa acgacgacga tgttaaaaaa gctgccactg tggccattgc tgctgectac 60
 aacaatggcc aagaaatcaa cggtttcaaa gctggagaga ccatctacga cattgatgaa 120
 gacggcacia ttacaaaaaa agacgcaact gcagccgatg ttgaagccga cgactttaa 180
 ggtctgggtc tgaaaaaagt cgtgactaac ctgacaaaaa ccgtcaatga aaacaaacaa 240
 55 aacgtcgatg ccaaagttaa agctgcagaa tctgaaatag aaaagttaac aaccaagtta 300
 gcagacactg atgccgcttt agcagatact gatgccgctc tggatgcaac caccaacgcc 360
 ttgaataaa tgggagaaaa tataacgaca tttgctgaag agactaagac aaatatcgta 420
 aaaattgatg aaaaattaga agccgtggct gataccgtcg acaagcatgc cgaagcattc 480
 aacgatatcg ccgattcatt ggatgaaacc aacactaagg cagacgaagc cgtcaaaacc 540
 60 gccaatgaag ccaaacagac ggccgaagaa accaaacaaa acgtcgatgc caaagtaaaa 600
 gctgcagaaa ctgcagcagg caaagccgaa gctgccgctg gcacagctaa tactgcagcc 660
 gacaaggccg aagctgtcgc tgcaaaagtt accgacatca aagctgatat cgctacgaac 720
 aaagataata ttgctaaaaa agcaaacagt gccgacgtgt acaccagaga agagtctgac 780
 agcaaatgtg tcaqaattga tggctgnaac gctactaccg aaaaattgga cacacgcttg 840
 65

ES 2 281 409 T3

```

gcttctgctg aaaaatccat tgcgatcac gatactcgcc tgaacggttt ggataaaaaca 900
gtgtcagacc tgcgcaaaga aaccgcgcaa ggccttgcag aacaagccgc gctctccggt 960
ctgttccaac cttacaacgt ggggtggatcc ggaggaggag gatcagattt ggcaaacgat 1020
tcttttatcc ggcaggttct cgaccgtcag cat ttcgaae ccgacgggaa ataccaccta 1080
5 ttcggcagca ggggggaact tgcgagcgc agcggccata tggattggg aaaaatataa 1140
agccatcagt tgggcaacct gatgatcaa caggcggcca ttaaaggaaa tatcggttac 1200
attgtccgct tttccgatca cgggcacgaa gtccatccc ccttcgacaa ccattgctca 1260
cattccgatt ctgatgaagc cggtagtccc gttgacggat ttagecttta ccgcatccat 1320
10 tgggacggat acgaacacca tcccgcgac ggc tatgacg ggccacaggg cggcggctat 1380
cccgtcccc aaggcgcgag ggatataaac agctacgaca taaaaggcgt tccccaaaat 1440
atccgctca acctgaccga caaccgcagc accggacaac ggcttgcga ccgtttccac 1500
aatgcccgtg gtatgctgac gcaaggagta ggcgacggat tcaaacgcgc caccggatac 1560
agccccgagc tggacagatc gggcaatgcc gccgaaggct tcaacggcac tgcagatatac 1620
15 gttaaaaaca tcctcggcgc ggcaggagaa attgtcggcg caggcgatgc cgtgcagggc 1680
ataagcgaag gctcaaacat tgcgtgcatg caaggcttgg gtctgcttcc caccgaaaac 1740
aagatggcgc gcatcaacga tttggcagat atggcgcac tcabagacta tgcgcgagca 1800
qccatccgcy attgggcagt ccaaaacccc aatgcccgcac aaggcataga agccgtcagc 1860
aatactctta tggcagccat cccatcaaa gggatggag ctgttcgggg aaaaatcggc 1920
20 ttgggggcca tcacggcaca tctatcaag cggtcgcaga tgggcgggat cgcattgccc 1980
aaagggaaat ccgcgctcag cgaacaattt gccgatggcg catacgcgca ataccgctcc 2040
ccttaccatt ccgaaatat ccgttcaaac ttggagcagc gttaccgcaa aganaacatc 2100
acctctcaca ccgtgcccgc gtaaaaggcc aaaaatgtrc aactggcaga ccaacggcac 2160
cgaagacag gcgtaaccgt tgaagggtaaa gggtttccgc attttgggaa gcacgtgaaa 2220
25 tatgataccg tcgagcaccg ccaccaccac caactga 2256

```

<210> 153

<211> 751

30 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

35 <223> 961c-ORF46.1

<400> 153

```

40 Met Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
1 5 10 15
Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly
20 25 30
45 Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
35 40 45
50 Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
50 55 60
Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
65 70 75 80
55 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
85 90 95
Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
100 105 110
60 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
115 120 125
65

```

ES 2 281 409 T3

Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 130 135 140
 5 Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 145 150 155 160
 10 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 165 170 175
 Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 180 185 190
 15 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 195 200 205
 Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 210 215 220
 20 Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 225 230 235 240
 25 Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 245 250 255
 Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 260 265 270
 30 Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 275 280 285
 Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu
 290 295 300
 35 Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly
 305 310 315 320
 40 Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp
 325 330 335
 Leu Ala Asn Asp Ser Phe Ile Arg Gln Val Leu Asp Arg Gln His Phe
 340 345 350
 45 Glu Pro Asp Gly Lys Tyr His Leu Phe Gly Ser Arg Gly Glu Leu Ala
 355 360 365
 Glu Arg Ser Gly His Ile Gly Leu Gly Lys Ile Gln Ser His Gln Leu
 370 375 380
 50 Gly Asn Leu Met Ile Gln Gln Ala Ala Ile Lys Gly Asn Ile Gly Tyr
 385 390 395 400
 55 Ile Val Arg Phe Ser Asp His Gly His Glu Val His Ser Pro Phe Asp
 405 410 415
 Asn His Ala Ser His Ser Asp Ser Asp Glu Ala Gly Ser Pro Val Asp
 420 425 430
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Ile His Trp Asp Gly Tyr Glu His His Pro
 435 440 445
 5 Ala Asp Gly Tyr Asp Gly Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Pro Ala Pro Lys
 450 455 460
 Gly Ala Arg Asp Ile Tyr Ser Tyr Asp Ile Lys Gly Val Ala Gln Asn
 465 470 475 480
 10 Ile Arg Leu Asn Leu Thr Asp Asn Arg Ser Thr Gly Gln Arg Leu Ala
 485 490 495
 Asp Arg Phe His Asn Ala Gly Ser Met Leu Thr Gln Gly Val Gly Asp
 500 505 510
 15 Gly Phe Lys Arg Ala Thr Arg Tyr Ser Pro Glu Leu Asp Arg Ser Gly
 515 520 525
 20 Asn Ala Ala Glu Ala Phe Asn Gly Thr Ala Asp Ile Val Lys Asn Ile
 530 535 540
 Ile Gly Ala Ala Gly Glu Ile Val Gly Ala Gly Asp Ala Val Gln Gly
 545 550 555 560
 25 Ile Ser Glu Gly Ser Asn Ile Ala Val Met His Gly Leu Gly Leu Leu
 565 570 575
 Ser Thr Glu Asn Lys Met Ala Arg Ile Asn Asp Leu Ala Asp Met Ala
 580 585 590
 Gln Leu Lys Asp Tyr Ala Ala Ala Ala Ile Arg Asp Trp Ala Val Gln
 595 600 605
 35 Asn Pro Asn Ala Ala Glu Gly Ile Glu Ala Val Ser Asn Ile Phe Met
 610 615 620
 Ala Ala Ile Pro Ile Lys Gly Ile Gly Ala Val Arg Gly Lys Tyr Gly
 625 630 635 640
 40 Leu Gly Gly Ile Thr Ala His Pro Ile Lys Arg Ser Gln Met Gly Ala
 645 650 655
 Ile Ala Leu Pro Lys Gly Lys Ser Ala Val Ser Asp Asn Phe Ala Asp
 660 665 670
 45 Ala Ala Tyr Ala Lys Tyr Pro Ser Pro Tyr His Ser Arg Asn Ile Arg
 675 680 685
 50 Ser Asn Leu Glu Gln Arg Tyr Gly Lys Glu Asn Ile Thr Ser Ser Thr
 690 695 700
 Val Pro Pro Ser Asn Gly Lys Asn Val Lys Leu Ala Asp Gln Arg His
 705 710 715 720
 55 Pro Lys Thr Gly Val Pro Phe Asp Gly Lys Gly Phe Pro Asn Phe Glu
 725 730 735
 60 Lys His Val Lys Tyr Asp Thr Leu Glu His His His His His His
 740 745 750

65 <210> 154
 <211> 1773

ES 2 281 409 T3

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> 961c-741

<400> 154

```

10      atggccacaa acgacgacga lgltaaaaa gctgccactg tggccattgc tgetgcctac   60
      aacaatggcc aagaatcaa cggtttcaaa gctggagaga ccatctacga catttgatgaa   120
      gacggcacia ttaccaaaaa agacgcaact gcagccgatg ttgaagccga cgactttaa   180
      ggtctgggtc tgaaaaaagt cgtgactaac ctgaccaaaa ccgtcaatga aaacaacaa   240
15      aacgtcgatg ccaaagtaaa agctgcagaa tctgaaatag aaaagttaac aaccaagtta   300
      gcagacactg atgocgcttt agcagatact gatgccgctc tggatgcaac caccaacgcc   360
      ttgaataaat tgggagaaaa tataacgaca tttgctgaag agactaagac aaatctcgl   420
      aaatctgatg aaaaattaga agccgtggct gataccgtcg acaagcatgc cgaagcatc   480
      aacgatatcg ccgattcatt ggatgaaacc aacactaagg cagacgaagc cgtcaaaacc   540
20      gccaatgaaq ccaaacagac ggccgaagaa accaaacaaa acgtcgatgc caaagtaaaa   600
      gctgcagaaa ctgcagcagg caaagccgaa gctgccgctg gcacagctaa tactgcagcc   660
      gacaagcccg aagctgtcgc tgcaaaagtt accgacatca aagctgatat cgtcacgac   720
      aagataata ttgctaaaaa agcaaacagt gccgacgtgt acaccagaga agagtctgac   780
      agcaaatctg tcagaattga cggctctgac gctactaccg aaaaattgga cacacgctt   840
25      gcttctgctg aaaaatccat tgcggateac gatactcgcc tgaacggttt ggataaaca   900
      gtctcagacc tgcgcaagc aaccgcccac ggccttgcaq aacaagccgc gctctccggt   960
      ctgttccaaq cttaacaagt gggtagatcc ggagggggtg gtgtcgcgcg ccacatcgg   1020
      tgggggcttg ccgatgcact aaccgcaccg ctgcaccata aagacaagg tttycagct   1080
      ttgaagctgg atcaatccgt caggaaaaa gagaaactga agctggcggc acuaaggtcg   1140
30      gaaaaaactt atggaaacgg tgcagcctc aatacgggca aattgaaqaa ccacaaggte   1200
      agccgtttcg actttatccg ccaaatcgaq gtggacgggc agctcatlac cttygagag   1260
      ggagagtctc aagtatacaa acaaaqcat tccgccttaa ccgccttca gaccgagcau   1320
      atacaagatt cggagccttc cgggaagctg gttgcgaaac gccagtlcag aatcggcgac   1380
      atagcggcgg aacatccalc ttttgcacaq ctctccgaaq gggcaggggc gacatactgc   1440
35      gggacggcgt tgggttcaga ccatgcgggc ggaaaactga cctacaccat agatttcgcc   1500
      cccaagcagq gaaaccgcaa aatcgaaat ttgaaatcgc cagaactcaa tgcctgacctg   1560
      gccgcgcgcg atalcgaagc ggalggaaa cggcctgcgc tcatcagcgg ttcctctct   1620
      tacaaccuag ccggaqaaqy cagttactcc ctgggtatct ttggcggaaa agcccaggaa   1680
40      gttgcgggaa gcggcgaagt gaaaccgta aaccggatad gccatctcgg ccttgcggcc   1740
      aagcaactcg agcaccacca ccaccaccac tga
  
```

<210> 155

<211> 590

45

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

50

<220>

<223> 961c-741

<400> 155

55

Met Ala Thr Asn Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
 1 5 10 15

60

Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly

65

ES 2 281 409 T3

	20					25					30					
5	Glu	Thr	Ile	Tyr	Asp	Ile	Asp	Glu	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Lys	Lys	Asp
			35					40					45			
	Ala	Thr	Ala	Ala	Asp	Val	Glu	Ala	Asp	Asp	Phe	Lys	Gly	Leu	Gly	Leu
	50					55					60					
10	Lys	Lys	Val	Val	Thr	Asn	Leu	Thr	Lys	Thr	Val	Asn	Glu	Asn	Lys	Gln
	65					70					75					80
	Asn	Val	Asp	Ala	Lys	Val	Lys	Ala	Ala	Glu	Ser	Glu	Ile	Glu	Lys	Leu
15				85						90					95	
	Thr	Thr	Lys	Leu	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala	Leu	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala
				100					105					110		
20	Ala	Leu	Asp	Ala	Thr	Thr	Asn	Ala	Leu	Asn	Lys	Leu	Gly	Glu	Asn	Ile
			115					120					125			
	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Glu	Thr	Lys	Thr	Asn	Ile	Val	Lys	Ile	Asp	Glu
	130						135					140				
25	Lys	Leu	Glu	Ala	Val	Ala	Asp	Thr	Val	Asp	Lys	His	Ala	Glu	Ala	Phe
	145					150					155					160
	Asn	Asp	Ile	Ala	Asp	Ser	Leu	Asp	Glu	Thr	Asn	Thr	Lys	Ala	Asp	Glu
30				165						170					175	
	Ala	Val	Lys	Thr	Ala	Asn	Glu	Ala	Lys	Gln	Thr	Ala	Glu	Glu	Thr	Lys
				180					185					190		
35	Gln	Asn	Val	Asp	Ala	Lys	Val	Lys	Ala	Ala	Glu	Thr	Ala	Ala	Gly	Lys
			195					200						205		
	Ala	Glu	Ala	Ala	Ala	Gly	Thr	Ala	Asn	Thr	Ala	Ala	Asp	Lys	Ala	Glu
40		210					215					220				
	Ala	Val	Ala	Ala	Lys	Val	Thr	Asp	Ile	Lys	Ala	Asp	Ile	Ala	Thr	Asn
	225					230					235					240
	Lys	Asp	Asn	Ile	Ala	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Ala	Asp	Val	Tyr	Thr	Arg
45				245						250					255	
	Glu	Glu	Ser	Asp	Ser	Lys	Phe	Val	Arg	Ile	Asp	Gly	Leu	Asn	Ala	Thr
				260					265					270		
50	Thr	Glu	Lys	Leu	Asp	Thr	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Glu	Lys	Ser	Ile	Ala
			275					280					285			
	Asp	His	Asp	Thr	Arg	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	Lys	Thr	Val	Ser	Asp	Leu
55		290					295					300				
	Arg	Lys	Glu	Thr	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Glu	Gln	Ala	Ala	Leu	Ser	Gly
	305					310					315					320
60	Leu	Phe	Gln	Pro	Tyr	Asn	Val	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Val	Ala

65

ES 2 281 409 T3

				325					330					335			
5	Ala	Asp	Ile	Gly	Ala	Gly	Leu	Ala	Asp	Ala	Leu	Thr	Ala	Pro	Leu	Asp	
				340					345					350			
	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Leu	Gln	Ser	Leu	Thr	Leu	Asp	Gln	Ser	Val	Arg	
			355					360					365				
10	Lys	Asn	Glu	Lys	Leu	Lys	Leu	Ala	Ala	Gln	Gly	Ala	Glu	Lys	Thr	Tyr	
			370				375					380					
15	Gly	Asn	Gly	Asp	Ser	Leu	Asn	Thr	Gly	Lys	Leu	Lys	Asn	Asp	Lys	Val	
	385					390					395				400		
	Ser	Arg	Phe	Asp	Phe	Ile	Arg	Gln	Ile	Glu	Val	Asp	Gly	Gln	Leu	Ile	
				405						410					415		
20	Thr	Leu	Glu	Ser	Gly	Glu	Phe	Gln	Val	Tyr	Lys	Gln	Ser	His	Ser	Ala	
				420					425					430			
	Leu	Thr	Ala	Phe	Gln	Thr	Glu	Gln	Ile	Gln	Asp	Ser	Glu	His	Ser	Gly	
25			435					440					445				
	Lys	Met	Val	Ala	Lys	Arg	Gln	Phe	Arg	Ile	Gly	Asp	Ile	Ala	Gly	Glu	
		450					455					460					
30	His	Thr	Ser	Phe	Asp	Lys	Leu	Pro	Glu	Gly	Gly	Arg	Ala	Thr	Tyr	Arg	
	465					470					475					480	
	Gly	Thr	Ala	Phe	Gly	Ser	Asp	Asp	Ala	Gly	Gly	Lys	Leu	Thr	Tyr	Thr	
35				485						490					495		
	Ile	Asp	Phe	Ala	Ala	Lys	Gln	Gly	Asn	Gly	Lys	Ile	Glu	His	Leu	Lys	
			500						505					510			
40	Ser	Pro	Glu	Leu	Asn	Val	Asp	Leu	Ala	Ala	Ala	Asp	Ile	Lys	Pro	Asp	
			515					520					525				
	Gly	Lys	Arg	His	Ala	Val	Ile	Ser	Gly	Ser	Val	Leu	Tyr	Asn	Gln	Ala	
45			530				535					540					
	Glu	Lys	Gly	Ser	Tyr	Ser	Leu	Gly	Ile	Phe	Gly	Gly	Lys	Ala	Gln	Glu	
	545					550				555						560	
50	Val	Ala	Gly	Ser	Ala	Glu	Val	Lys	Thr	Val	Asn	Gly	Ile	Arg	His	Ile	
				565						570					575		
	Gly	Leu	Ala	Ala	Lys	Gln	Leu	Glu	His	His	His	His	His	His	His		
55				580					585						590		

<210> 156

<211> 4170

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> 961c-983

ES 2 281 409 T3

<400> 156

	atggccacaa	acgacgacga	tgtaaataaa	gctgccactg	tggccattgc	tgetgcctac	60
5	aacaatggcc	aagaaatcaa	cggtttcaaa	gctggagaga	ccatctacga	cattgatgaa	120
	gacggcacaa	ttaccaaaaa	agacgcaact	gcagccgatg	ttgaagccga	cgactttaa	180
	ggtctgggtc	tgaaaaaagt	cgtgactaac	ctgaccaaaa	ccgtcaatga	aaacaaacaa	240
	aacgtcgatg	ccaaagttaa	agctgcagaa	tctgaaatag	aaaagttaac	aaccaagtta	300
	gcagacactg	atgccgcttt	agcagatact	gatgccgctc	tggatgcaac	caccaacgcc	360
10	ttgaataaat	tgggagaaaa	tataacgaca	tttgctgaag	agactaagac	aaatctcgta	420
	aaaattgatg	aaaaattaga	agccgtggct	gataccgtcg	acaagcatgc	cgaagcattc	480
	aacgatatcg	ccgattcatt	ggatgaaacc	aacactaagg	cagacgaagc	cgtaaaaacc	540
	gccattgacg	ccaaacagac	ggccgaagaa	accaaacaaa	acgtcgatgc	caaaagtaaa	600
	gctgcagaaa	ctgcagcagg	caaagccgaa	gctgccgctg	gcacagctaa	tactcgagcc	660
15	gacaaggccg	aagctgtcgc	tgcaaaaagt	accgacatca	aagctgatat	cgctacgaac	720
	aaagataata	ttgctaaaaa	agcaaacagt	gcccagctgt	acaccagaga	agagtctgac	780
	agcaaatctg	tcagaattga	tggctctgac	gctactaccg	aaaaattgga	cacacgcttg	840
	gcttctgctg	aaaaatccat	tgccgatcac	gatactcgcc	tgaacggttt	ggataaaaaca	900
	gtgtcagacg	tgcgcaaa	aacccgccaa	ggccttgca	aaacagccgc	gctctccggt	960
20	ctgttccaac	cttacaacgt	ggctggatcc	ggcggaggcg	gcacttctgc	cccagcttc	1020
	aatgcaggcg	gtaccggtat	cggcagcaac	agcagagcaa	caacagcga	atcagcagca	1080
	gtatcttacc	ccggtatcaa	gaacgaaatg	tgcaaaagaca	gaagcatgct	ctgtgcccgt	1140
	cgggatgacg	ttgcggttac	agacagggat	gccaaaatca	atgcccccc	cccgaatcrg	1200
	cataccggag	actttcca	cccaaatgac	gcatacaaga	atttgatcaa	cctcaaacct	1260
25	gcaattgaag	caggctatac	aggacgcggg	gtagaggtag	gtatcgtcga	cacaggcgaa	1320
	tccgtccgca	gcatactctt	tcccgaactg	tatggcagaa	aagaacacgg	ctataacgaa	1380
	aattaca	actatacggc	gtatatg	aaggaagcgc	ctgaagacgg	aggcggtaaa	1440
	gacattgaag	cttctttcga	cgatgaggcc	gttatagaga	ctgaagcaaa	gccgacggat	1500
	atccgccacg	taaaagaaat	cggacacatc	gatttggctc	cccatattat	tggcggcgt	1560
30	tccgtggacg	gcagacctgc	aggcggat	gcccggatg	cgacgctaca	cataatgaat	1620
	acgaatgatg	aaaccaagaa	cgaatgatg	gctgcagcca	tccgcaatgc	atgggtcaag	1680
	ctggcgcaac	gtggcgctgc	catcgtcaat	aacagtcttg	gaacaacatc	gaggggcaggc	1740
	actgcccacc	tttcca	agccaatc	gaggagcagt	accgccaagc	gttctcgac	1800
	tattccggcg	tgataaaaac	agacgaagg	atccgctga	tgcacacag	cgattaccggc	1860
35	aacctgtcct	accacatccg	taataaaaaac	atgctttca	tcttttcgac	aggcaatgac	1920
	gcacaagctc	agcccaacac	atatgcctta	ttgccat	atgaaaaaga	cgctcaaaa	1980
	ggcattatca	cagtcgcagg	cgtagaccgc	agtggagaaa	agttcaaacg	ggaaatgtat	2040
	ggagaaccgq	gtacagaacc	gcttgagtat	ggctccaacc	attgcgggat	tactgccatg	2100
	tgtgtccgtg	cggcaacctc	tgagcaagc	gtccgtttca	ccgtacaaa	cccgatcaaa	2160
40	attgcccggaa	cttcttttc	cgcaccatc	gtaccggca	cggcggctct	gctcagcag	2220
	aaataccgct	ggatgagca	cgacaacctg	cgtaccagct	tgtctgacgac	ggctcaggac	2280
	atccgtgcag	tggcgctgga	cagcaagctc	ggttggggac	tgtctgactgc	gggtcaggcc	2340
	atgaacggac	ccgctgctct	tccgttcggc	gactttaccg	ccgatacga	aggtacatcc	2400
	gatattgctt	actccttcgg	taacgacatt	tcaggcaagg	gggctctgat	caaaaaagcc	2460
45	ggcagccaac	tgcantgca	cggcaacaa	acctatacgg	gcaaaaccat	talegaaggc	2520
	ggttcgctgg	tgttctacgg	caacaacaaa	tgggatatgc	gcctcgaaac	caaaggctgc	2580
	ctgatctata	acggggcgcc	atccggcgcc	agcctgaaca	gcgacggcat	tgtctactctg	2640
	gcagataccg	accaatccgg	cgcnaacgaa	accctacaca	tcnaaggcaj	tctgcagctg	2700
	gacggcaaaq	gtacgctgta	cacacgtttg	ggcaaacctgc	tgaaagtgga	cggtaccggc	2760
50	atfatccggc	gcaagctgta	catctccgca	ccgggcaagg	ggcaggcta	tctcaacag	2820
	accggacgac	gtgttccctt	cttgaatgcc	gccaaaatcg	ggcaggatta	ttctttcttc	2880
	acaaacatcg	aaaccgaagg	ggcctctgctg	gcttctctcg	acagcctcga	aaaaacagcg	2940
	ggcagtgag	gcgacacgct	gtctctctct	gtccctccgg	gcaatccgct	acggactctc	3000
	tccgacggcg	cacattccgc	gcccgccggc	ctgaaacacg	ccgtagaaca	ggcgccgagc	3060
55	aatctggaa	acctgatgg	cgaactggat	gccctccgaa	catccgcaac	acccgagacg	3120
	gttgaacctg	cggcagcga	ccgcacagat	atgcggggca	tccgccccta	cggcgcaact	3180
	ttcccgccag	cggcagcgg	acggcatgcg	aatgcccgcc	accgttatcc	catcttcaac	3240
	agctccggcg	ctaccgctca	tgcggacag	accggcgccc	atgcggatct	gcaggggaccg	3300

60

65

ES 2 281 409 T3

cgctgaaag ccgtatcggg cgggttggac cacaacggca cgggtctgcg cgtcatcggg 3360
 caaacccaac aggacggtgg aacgtgggaa cagggcgggtg ttgaaggcaa aatgcgcggc 3420
 agtacccaaa ccgtcggcat tgccgcgaaa accggcgaaa atacgacagc agccgccaca 3480
 5 ctgggcatgg gacgcagcac atggagcgaa aacagtgcaa atgcaaaaac cgacagcatt 3540
 agtctgtttg caggcatacg gcacgatgcg ggcgatatcg gctatctcaa aggcctgttc 3600
 tcctacggac gctacaaaaa cagcatcagc cgcagcaccg gtgcggacga acatgcggaa 3660
 ggcagcgtca acggcacgct gatgcagctg ggcgcactgg gcggtgtcaa cgttecgttt 3720
 10 gccgcaacgg gagatttgac ggtcgaagge ggtctgctgt acgacctgct caaacaggat 3780
 gcattcggcg aaaaaggcag tgctttgggc tggagcggca acagcctcac tgaaggcacg 3840
 ctggctggac tcgcgggtct gaagctgtcg caacccttga gcgataaagc cgtcctgttt 3900
 gcaacggcgg gcgtggaacg cgacctgaac ggacgcgact acacggtaac gggcggcttt 3960
 accggcgcga ctgcagcaac cggcaagacg ggggcacgca atatgccgca caccctctcg 4020
 15 gttgccggcc tgggcgcgga tgtcgaattc ggcaacggct ggaacggctt ggcacgttac 4080
 agctacgccg gttccaaaca gtacggcaac cacagcggac gagtcggcgt aggctaccgg 4140
 ttctctgagc accaccacca ccaccactga 4170

<210> 157
 20 <211> 1389
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> 961c-983

30 <400> 157

Met Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys Ala Ala Thr Val Ala Ile
 1 5 10 15
 Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile Asn Gly Phe Lys Ala Gly
 20 25 30
 Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly Thr Ile Thr Lys Lys Asp
 35 40 45
 Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp Phe Lys Gly Leu Gly Leu
 50 55 60
 Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr Val Asn Glu Asn Lys Gln
 65 70 75 80
 Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Ser Glu Ile Glu Lys Leu
 85 90 95
 Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Ala Asp Thr Asp Ala
 100 105 110
 Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn Lys Leu Gly Glu Asn Ile
 115 120 125
 Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn Ile Val Lys Ile Asp Glu
 130 135 140
 Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp Lys His Ala Glu Ala Phe
 145 150 155 160
 Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr Asn Thr Lys Ala Asp Glu
 165 170 175

ES 2 281 409 T3

Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln Thr Ala Glu Glu Thr Lys
 180 185 190

5 Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Gly Lys
 195 200 205

Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Ala Ala Asp Lys Ala Glu
 10 210 215 220

Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys Ala Asp Ile Ala Thr Asn
 225 230 235 240

15 Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser Ala Asp Val Tyr Thr Arg
 245 250 255

Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile Asp Gly Leu Asn Ala Thr
 260 265 270

20 Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser Ala Glu Lys Ser Ile Ala
 275 280 285

Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp Lys Thr Val Ser Asp Leu
 25 290 295 300

Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu Gln Ala Ala Leu Ser Gly
 305 310 315 320

30 Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Thr Ser
 325 330 335

Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly Ile Gly Ser Asn Ser Arg
 340 345 350

35 Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser Tyr Ala Gly Ile Lys Asn
 355 360 365

Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys Ala Gly Arg Asp Asp Val
 40 370 375 380

Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn Ala Pro Pro Pro Asn Leu
 385 390 395 400

45 His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp Ala Tyr Lys Asn Leu Ile
 405 410 415

Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr Thr Gly Arg Gly Val Glu
 420 425 430

50 Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val Gly Ser Ile Ser Phe Pro
 435 440 445

Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr Asn Glu Asn Tyr Lys Asn
 450 455 460

Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro Glu Asp Gly Gly Gly Lys
 465 470 475 480

60

65

ES 2 281 409 T3

Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala Val Ile Glu Thr Glu Ala
 485 490 495
 5
 Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu Ile Gly His Ile Asp Leu
 500 505 510
 Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val Asp Gly Arg Pro Ala Gly
 515 520 525
 10
 Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile Met Asn Thr Asn Asp Glu
 530 535 540
 15
 Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile Arg Asn Ala Trp Val Lys
 545 550 555 560
 Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn Asn Ser Phe Gly Thr Thr
 565 570 575
 20
 Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln Ile Ala Asn Ser Glu Glu
 580 585 590
 25
 Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser Gly Gly Asp Lys Thr Asp
 595 600 605
 Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp Tyr Gly Asn Leu Ser Tyr
 610 615 620
 30
 His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile Phe Ser Thr Gly Asn Asp
 625 630 635 640
 Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu Leu Pro Phe Tyr Glu Lys
 645 650 655
 35
 Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala Gly Val Asp Arg Ser Gly
 660 665 670
 40
 Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu Pro Gly Thr Glu Pro Leu
 675 680 685
 Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr Ala Met Trp Cys Leu Ser
 690 695 700
 45
 Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr Arg Thr Asn Pro Ile Gln
 705 710 715 720
 Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile Val Thr Gly Thr Ala Ala
 725 730 735
 50
 Leu Leu Leu Cln Lys Tyr Pro Trp Met Ser Asn Asp Asn Leu Arg Thr
 740 745 750
 55
 Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly Ala Val Gly Val Asp Ser
 755 760 765
 Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly Lys Ala Met Asn Gly Pro
 770 775 780
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala Asp Thr Lys Gly Thr Ser
 785 790 795 800
 5 Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile Ser Gly Thr Gly Gly Leu
 805 810 815
 Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu His Gly Asn Asn Thr Tyr
 820 825 830
 10 Thr Gly Lys Thr Ile Ile Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Tyr Gly Asn
 835 840 845
 15 Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr Lys Gly Ala Leu Ile Tyr Asn
 850 855 860
 Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser Asp Gly Ile Val Tyr Leu
 865 870 875 880
 20 Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu Thr Val His Ile Lys Gly
 885 890 895
 Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu Tyr Thr Arg Leu Gly Lys
 900 905 910
 25 Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile Gly Gly Lys Leu Tyr Met
 915 920 925
 Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu Asn Ser Thr Gly Arg Arg
 930 935 940
 30 Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly Gln Asp Tyr Ser Phe Phe
 945 950 955 960
 35 Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu Ala Ser Leu Asp Ser Val
 965 970 975
 Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr Leu Ser Tyr Tyr Val Arg
 980 985 990
 40 Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala Ala Ala His Ser Ala Pro
 995 1000 1005
 Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Glu Gly Gly Ser Asn Leu Glu Asn
 1010 1015 1020
 45 Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser Ser Ala Thr Pro Glu Thr
 1025 1030 1035 1040
 50 Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp Met Pro Gly Ile Arg Pro
 1045 1050 1055
 Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala Ala Val Gln His Ala Asn Ala
 1060 1065 1070
 55 Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu Ala Ala Thr Val Tyr Ala
 1075 1080 1085
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Gln Gly Arg Arg Leu Lys Ala
 1090 1095 1100
 5
 Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr Gly Leu Arg Val Ile Ala
 1105 1110 1115 1120
 Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Glu Gln Gly Gly Val Glu Gly
 10 1125 1130 1135
 Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly Ile Ala Ala Lys Thr Gly
 1140 1145 1150
 15
 Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly Met Gly Arg Ser Thr Trp
 1155 1160 1165
 Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp Ser Ile Ser Leu Phe Ala
 1170 1175 1180
 20
 Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly Tyr Leu Lys Gly Leu Phe
 1185 1190 1195 1200
 Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser Arg Ser Thr Gly Ala Asp
 25 1205 1210 1215
 Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr Leu Met Gln Leu Gly Ala
 1220 1225 1230
 30
 Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala Thr Gly Asp Leu Thr Val
 1235 1240 1245
 Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys Gln Asp Ala Phe Ala Glu
 35 1250 1255 1260
 Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn Ser Leu Thr Glu Gly Thr
 1265 1270 1275 1280
 40
 Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser Gln Pro Leu Ser Asp Lys
 1285 1290 1295
 Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Gln Arg Asp Leu Asn Gly Arg
 1300 1305 1310
 45
 Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly Ala Thr Ala Ala Thr Gly
 1315 1320 1325
 Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr Arg Leu Val Ala Gly Leu
 50 1330 1335 1340
 Gly Ala Asp Val Gln Phe Gly Asn Gly Trp Asn Gly Leu Ala Arg Tyr
 1345 1350 1355 1360
 55
 Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn His Ser Gly Arg Val Gly
 1365 1370 1375
 Val Gly Tyr Arg Phe Leu Gln His His His His His His
 1380 1385

60 <210> 158
 <211> 2304
 <212> ADN
 65 <213> Secuencia artificial
 <220>

ES 2 281 409 T3

<223> 961cL-ORF46.1

<400> 158

```

5      atgaaacact ttccatccaa agtactgacc acagccatcc ttgccacttt ctgtagcggc 60
      gcactggcag ccacaacga cgacgatgtt aaaaaagctg ccactgtggc cattgtctgt 120
      gcctacaaca atggccaagaaatcaacygt ttcaaagctg gagagaccat ctacgacatt 180
      gatgaagacg gcacaattac caaaaaagac gcaactgcag ccgatgttga agccgacgac 240
      tttaaaggctc tgggtctgaa aaaagtcgtg actaacctga ccaaaaccgt caatgaaaac 300
10     aaacaaaacg tcgatgccaa agtaaaagct gcagaatctg aaatagaaaa gttaacaacc 360
      aagttagcag acactgatgc cgctttagca gatactgatg ccgctcttga tgcaaccacc 420
      aacgccttga ataaattggg agaaaatata acgacatttg ctgaagagac taagacaat 480
      atcgtaaaaa ttgatgaaaa attagaagcc gtggctgata ccgtcgacaa gcattgccaa 540
      gcattcaacg atatcgccga ttcattggat gaaccaaca ctaaggcaga cgaagccgtc 600
15     aaaaccgccca atgaagccaa acagacggcc gaagaacca aacaaaacgt cgttgccaaa 660
      gtaaaagctg cagaactgac agcaggcaaa gccgaagctg ccgctggcac agctaatact 720
      gcagccgaca aggccgaagc tgtcgtgca aaagttaccg acatcaaagc tgatatcgct 780
      acgaacaaag ataatttgc taaaaagca aacagtgccg acgtgtacac cagagaagag 840
      tetgacagca aatttgtcag aattgatggt ctgaacgcta ctaccgaaaa atttggacaca 900
20     cgcttggctt ctgctgaaaa atccattgac ctgacgata ctgcctgaa cggtttggat 960
      aaaacagtgt cagacctgcy caaagaaacc gcaccaaggcc ttgcagaaca agccgcgctc 1020
      tccggtctgt tccaacctta caacgtgggt ggatccggag gaggaggatc agatttggca 1080
      aacgattctt ttatccgcca ggttctcgac cgtcagcatt tcgaacccca cgggaaatac 1140
      cacctattcg gcagcagggg ggaacttgc gagcgcagcg gccatategg attgggaaaa 1200
25     atacaagacc atcagttggg caacctgatg attcaacagg cggccattaa aggaatatc 1260
      ggctacat tg tccgcttttc cgtacaggg caggaagtc attccccctt cgacaaccat 1320
      gctccacatt cegattctga tgaagccggt agtcccgtt acggatttag cctttaccgc 1380
      atccattggg acggatagca acaccatccc gccgacggct atgaagggcc acagggcggc 1440
      ggctatcccg ctccc aaag cgcgagggat atatacagct acgacataaa aggcgttgc 1500
30     caaaatatac gctcaacct gaccgacaac cgcagcaacc gacaacggct tgcgaccgt 1560
      ttccc aatg ccggtagtat gctgacgcaa ggagtaggcg acggattcaa acgcyccacc 1620
      qatcacagcc ccgagctgga cayatcgggc aatgccgccc aagcttcaa cggcactgca 1680
      qatategfta aaaacatcat cgggcgcccga ggaqaaattg tccgcccagg cgtatccgtg 1740
      cagggcataa gegaaggctc aaacatlgct gtcatgcac gcttgggtct gctttccacc 1800
35     gaaaacaaga tggcgcgcac caacgatctg gcagatagc cgcacactca agactatgct 1860
      gcagcagcca tccgcgattg qgcagtccaa aaccaccaat cgcacaaag catagaagcc 1920
      qtcagcaata tctttatggc agccatccc atcaaaagga l.tggagctgt tggggaaaa 1980
      taaggcttgg gggcatcac ggcacatct atcaagcggc cgcagatggg cgcgatgca 2040
      ttgccgaaag ggaatccgc cgtcagcagc aat.l.tgccg atggggcaca cggcaaatac 2100
40     ccgtcccctt accatcccg aaatatecgt tcaaaccttg agcagcgtta cggcaagaa 2160
      aacatcacct cctcaaccgt gccgcgctca aacggcaaaa atgtcaacti ggcagaccaa 2220
      cgcacaccga agacaggcgt accgtttgac ggtaaaggt. ttccgaatt.l. tgagaagcac 2280
      gtgaaatag atacgtaact cggag 2304

```

45 <210> 159

<211> 765

<212> PRT

50 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> 961cL-ORF46.1

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 159

5 Met Lys His Phe Pro Ser Lys Val Leu Thr Thr Ala Ile Leu Ala Thr
 1 5 10 15
 Phe Cys Ser Gly Ala Leu Ala Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys
 20 25 30
 10 Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile
 35 40 45
 Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly
 50 55 60
 15 Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp
 65 70 75 80
 20 Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr
 85 90 95
 Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu
 100 105 110
 25 Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala
 115 120 125
 30 Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn
 130 135 140
 Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn
 145 150 155 160
 35 Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp
 165 170 175
 Lys His Ala Glu Ala Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr
 180 185 190
 40 Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln
 195 200 205
 45 Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala
 210 215 220
 Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr
 225 230 235 240
 50 Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys
 245 250 255
 55 Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser
 260 265 270
 Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile
 275 280 285
 60 Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser

65

ES 2 281 409 T3

	290		295		300																
5	Ala	Glu	Lys	Ser	Ile	Ala	Asp	His	Asp	Thr	Arg	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp					
	305					310					315					320					
	Lys	Thr	Val	Ser	Asp	Leu	Arg	Lys	Glu	Thr	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Glu					
					325					330					335						
10	Gln	Ala	Ala	Leu	Ser	Gly	Leu	Phe	Gln	Pro	Tyr	Asn	Val	Gly	Gly	Ser					
				340					345					350							
	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Leu	Ala	Asn	Asp	Ser	Phe	Ile	Arg	Gln	Val					
15			355				360						365								
	Leu	Asp	Arg	Gln	His	Phe	Glu	Pro	Asp	Gly	Lys	Tyr	His	Leu	Phe	Gly					
		370					375					380									
20	Ser	Arg	Gly	Glu	Leu	Ala	Glu	Arg	Ser	Gly	His	Ile	Gly	Leu	Gly	Lys					
		385				390					395					400					
	Ile	Gln	Ser	His	Gln	Leu	Gly	Asn	Leu	Met	Ile	Gln	Gln	Ala	Ala	Ile					
					405					410					415						
25	Lys	Gly	Asn	Ile	Gly	Tyr	Ile	Val	Arg	Phe	Ser	Asp	His	Gly	His	Glu					
				420					425					430							
	Val	His	Ser	Pro	Phe	Asp	Asn	His	Ala	Ser	His	Ser	Asp	Ser	Asp	Glu					
30			435					440					445								
	Ala	Gly	Ser	Pro	Val	Asp	Gly	Phe	Ser	Leu	Tyr	Arg	Ile	His	Trp	Asp					
			450				455					460									
35	Gly	Tyr	Glu	His	His	Pro	Ala	Asp	Gly	Tyr	Asp	Gly	Pro	Gln	Gly	Gly					
		465				470					475					480					
	Gly	Tyr	Pro	Ala	Pro	Lys	Gly	Ala	Arg	Asp	Ile	Tyr	Ser	Tyr	Asp	Ile					
					485					490					495						
40	Lys	Gly	Val	Ala	Gln	Asn	Ile	Arg	Leu	Asn	Leu	Thr	Asp	Asn	Arg	Ser					
				500					505					510							
	Thr	Gly	Gln	Arg	Leu	Ala	Asp	Arg	Phe	His	Asn	Ala	Gly	Ser	Met	Leu					
45			515					520					525								
	Thr	Gln	Gly	Val	Gly	Asp	Gly	Phe	Lys	Arg	Ala	Thr	Arg	Tyr	Ser	Pro					
				530			535						540								
50	Glu	Leu	Asp	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Ala	Glu	Ala	Phe	Asn	Gly	Thr	Ala					
		545					550					555				560					
	Asp	Ile	Val	Lys	Asn	Ile	Ile	Gly	Ala	Ala	Gly	Glu	Ile	Val	Gly	Ala					
55					565					570					575						
	Gly	Asp	Ala	Val	Gln	Gly	Ile	Ser	Glu	Gly	Ser	Asn	Ile	Ala	Val	Met					
				580					585					590							
60	His	Gly	Leu	Gly	Leu	Leu	Ser	Thr	Glu	Asn	Lys	Met	Ala	Arg	Ile	Asn					

ES 2 281 409 T3

	595		600		605										
5	Asp	Leu	Ala	Asp	Met	Ala	Gln	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ala	Ala	Ala	Ile
	610					615						620			
	Arg	Asp	Trp	Ala	Val	Gln	Asn	Pro	Asn	Ala	Ala	Gln	Gly	Ile	Glu
	625					630					635				640
10	Val	Ser	Asn	Ile	Phe	Met	Ala	Ala	Ile	Pro	Ile	Lys	Gly	Ile	Gly
					645					650					655
	Val	Arg	Gly	Lys	Tyr	Gly	Leu	Gly	Gly	Ile	Thr	Ala	His	Pro	Ile
15				660					665					670	Lys
	Arg	Ser	Gln	Met	Gly	Ala	Ile	Ala	Leu	Pro	Lys	Gly	Lys	Ser	Ala
			675					680					685		Val
20	Ser	Asp	Asn	Phe	Ala	Asp	Ala	Ala	Tyr	Ala	Lys	Tyr	Pro	Ser	Pro
	690						695					700			Tyr
	His	Ser	Arg	Asn	Ile	Arg	Ser	Asn	Leu	Glu	Gln	Arg	Tyr	Gly	Lys
25	705					710					715				720
	Asn	Ile	Thr	Ser	Ser	Thr	Val	Pro	Pro	Ser	Asn	Gly	Lys	Asn	Val
					725					730					735
30	Leu	Ala	Asp	Gln	Arg	His	Pro	Lys	Thr	Gly	Val	Pro	Phe	Asp	Gly
				740					745					750	Lys
	Gly	Phe	Pro	Asn	Phe	Glu	Lys	His	Val	Lys	Tyr	Asp	Thr		
35			755					760					765		

<210> 160

<211> 1839

40 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

45 <223> 961 cL-741

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 160

	atgaaacact	ttccatccaa	agtactgacc	acagccatcc	ttgccacttt	ctgtagcggc	60
	gcactggcag	ccacaaacga	cgacgatggt	aaaaaagctg	ccactgtggc	cattgctgct	120
5	gcctacaaca	atggccaaga	aatcaacggt	ttcaaagctg	gagagaccat	ctacgacatt	180
	gatgaagacg	gcacaattac	caaaaaagac	gcaactgcag	ccgatggtga	agccgacgac	240
	tttaaaggtc	tgggtctgaa	aaaagtcgtg	actaacctga	ccaaaaccgt	caatgaaaac	300
	aaacaaaacg	tcgatgccaa	agtaaaagct	gcagaatctg	aaatagaaaa	gttaacaacc	360
10	aagttagcag	acactgatgc	cgctttagca	gatactgatg	ccgctctgga	tgcaaccacc	420
	aacgccttga	ataaattggg	agaaaatata	acgacatttg	ctgaagagac	taagacaaat	480
	atcgtaaaaa	ttgatgaaaa	attagaagcc	gtggctgata	ccgtcgacaa	gcatgccgaa	540
	gcattcaacg	atatacgccg	ttcattggat	gaaaccaaca	ctaaggcaga	cgaagccgtc	600
	aaaacegcc	atgaagccaa	acagacggcc	gaagaacca	aacaaaacgt	cgatgccaaa	660
15	gtaaaagctg	cagaaactgc	agcaggcaaa	gccgaagctg	ccgctggcac	agctaatact	720
	gcagccgaca	agcccgaaag	tgtcgtgca	aaaagttaccg	acatcaaacg	tgatatcgct	780
	acgaacaaag	ataatattgc	taaaaaagca	aacagtgccg	acgtgtacac	cagagaagag	840
	tctgacagca	aatttgtag	aattgatggt	ctgaacgcta	ctaccgaaaa	attggacaca	900
20	cgcttgctt	ctgctgaaaa	atccattgac	gatcacgata	ctcgcctgaa	cggtttggat	960

	aaaacagtgt	cagacctgcg	caaagaaacc	cgccaaggcc	ttgcagaaca	agccgcgctc	1020
25	tccggctctgt	tccaaccctta	caacgtgggt	ggatccggag	gggtgggtgt	cgccgccgac	1080
	atcgggtgcg	ggcttgccga	tgcactaac	gcaccgctcg	accataaaga	caaagggttg	1140
	cagtccttga	cgctggatca	gtccgtcagy	aaaaacgaga	aactgaagct	ggcggcacia	1200
	ggtgcggaaa	aaactlatgg	aaacggtgac	agcctcaata	cgggcaaat	gaagaacgac	1260
	aaggtcagcc	gtttcgactt	tatccgccaa	atcgaagtgg	acgggcagct	cattaccttg	1320
30	gagagtggag	agttccaagt	atacaaaaca	agccattccg	ccttaaccgc	cttccagacc	1380
	gagcaaatac	aagattcggg	gcattccggg	aagatgggtg	cgaaacgcca	gttcagaatc	1440
	ggcgacatag	cgggcgaaca	tacatcttct	gacaagcttc	ccgaaggcgg	cagggcgaca	1500
	tatcgcgga	cggcgcttcgg	ttcagacgat	gccggcggaa	aactgacctc	caccatagat	1560
35	ttcgcgccca	agcagggaaa	cggcaaaatc	gaacatttga	aatcgccaga	actcaatgtc	1620
	gacctggccg	ccgcgatata	caagccggat	ggaaaacgcc	atgccgctat	cagcggttcc	1680
	gtcctttaca	accaagccga	gaaaggcagt	tactccctcg	gtatctttgg	cggaaaagcc	1740
	caggaagtgg	ccggcagcgc	ggaagtgaaa	accgtaaacg	gcatacgcga	tatcggcctt	1800
40	gccgccaaagc	aactcgagca	cccccaccac	caccactga			1839

<210> 161

<211> 612

45 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

50 <223> 961cL-741

55

60

65

ES 2 281 409 T3

<400> 161

5 Met Lys His Phe Pro Ser Lys Val Leu Thr Thr Ala Ile Leu Ala Thr
 1 5 10 15
 Phe Cys Ser Gly Ala Leu Ala Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys
 20 25 30
 10 Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile
 35 40 45
 Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly
 50 55 60
 15 Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp
 65 70 75 80
 20 Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr
 85 90 95
 Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu
 100 105 110
 25 Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala
 115 120 125
 30 Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn
 130 135 140
 Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn
 145 150 155 160
 35 Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp
 165 170 175

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

5 Lys His Ala Glu Ala Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr
 180 185 190
 Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Gln
 195 200 205
 10 Thr Ala Glu Glu Thr Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala
 210 215 220
 Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr
 225 230 235 240
 15 Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys
 245 250 255
 Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser
 260 265 270
 20 Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile
 275 280 285
 25 Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser
 290 295 300
 Ala Glu Lys Ser Ile Ala Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp
 305 310 315 320
 30 Lys Thr Val Ser Asp Leu Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu
 325 330 335
 35 Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Gly Ser
 340 345 350
 Gly Gly Gly Gly Val Ala Ala Asp Ile Gly Ala Gly Leu Ala Asp Ala
 355 360 365
 40 Leu Thr Ala Pro Leu Asp His Lys Asp Lys Gly Leu Gln Ser Leu Thr
 370 375 380
 45 Leu Asp Gln Ser Val Arg Lys Asn Glu Lys Leu Lys Leu Ala Ala Gln
 385 390 395 400
 Gly Ala Glu Lys Thr Tyr Gly Asn Gly Asp Ser Leu Asn Thr Gly Lys
 405 410 415
 50 Leu Lys Asn Asp Lys Val Ser Arg Phe Asp Phe Ile Arg Gln Ile Glu
 420 425 430
 55 Val Asp Gly Gln Leu Ile Thr Leu Glu Ser Gly Glu Phe Gln Val Tyr
 435 440 445
 Lys Gln Ser His Ser Ala Leu Thr Ala Phe Gln Thr Glu Gln Ile Gln
 450 455 460
 60 Asp Ser Glu His Ser Gly Lys Met Val Ala Lys Arg Gln Phe Arg Ile
 465 470 475 480

65

ES 2 281 409 T3

5 Gly Asp Ile Ala Gly Glu His Thr Ser Phe Asp Lys Leu Pro Glu Gly
 485 490 495

10 Gly Arg Ala Thr Tyr Arg Gly Thr Ala Phe Gly Ser Asp Asp Ala Gly
 500 505 510

15 Gly Lys Leu Thr Tyr Thr Ile Asp Phe Ala Ala Lys Gln Gly Asn Gly
 515 520 525

20 Lys Ile Glu His Leu Lys Ser Pro Glu Leu Asn Val Asp Leu Ala Ala
 530 535 540

25 Ala Asp Ile Lys Pro Asp Gly Lys Arg His Ala Val Ile Ser Gly Ser
 545 550 555 560

30 Val Leu Tyr Asn Gln Ala Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Leu Gly Ile Phe
 565 570 575

35 Gly Gly Lys Ala Gln Glu Val Ala Gly Ser Ala Glu Val Lys Thr Val
 580 585 590

40 Asn Gly Ile Arg His Ile Gly Leu Ala Ala Lys Gln Leu Glu His His
 595 600 605

45 His His His His
 610

<210> 162

<211> 4218

35 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

40 <223> 961cL-983

<400> 162

45 atgaaacact ttccatccaa agtactgacc acagccatcc ttgccacttt ctgtagcggc 60
 gcactggcag ccacaaacga cgacgatggt aaaaaagctg ccactgtggc cattgctgct 120
 gcctacaaca atggccaaga antcaacggt ttcaaagctg gagagaccat ctacgacatt 180
 gatgaagacg gcacaattac caaaaaagac gcaactgcag cegatgttga agccgacgac 240
 tttaaaggctc tgggtctgaa aaaagtcgtg actaacctga ccaaaaccgt caatgaaaac 300
 50 aaacaaaacg tcgatgccaa agtaaaagct gcagaatctg aaatagaaaa gttaacaacc 360
 aagttagcag acactgatgc cgctttagca gatactgatg ccgctctgga tgcaaccacc 420
 aacgccttga ataaattggg agaaaatata acgacatttg ctgaagagac taagacaaat 480
 atcgtaaaaa ttgatgaaaa attagaagcc gtggctgata cegtcgacaa gcatgccgaa 540
 gcattcaacg atatcgccga ttcattggat gaaaccaaca ctaaggcaga cgaagccgctc 600
 55 aaaaccgcca atgaagccaa acagacggcc gaagaaacca aacaaaacgt cgatgccaaa 660
 gtaaaagctg cagaaactgc agcaggcaaa gccgaagctg ccgctggcac agctaatact 720
 gcagccgaca agcgcgaagc tgtcgtgca aaagttaccg acatcaaagc tgatatcgct 780
 acgaacaaag ataattatgc taaaaaagca aacagtgccg acgtgtacac cagagaagag 840
 60 tetgacagca aatttgtcag aattgatggt ctgaacgcta ctaccgaaaa attggacaca 900
 cgcttggctt ctgctgaaaa atccattgcc gatcacgata ctgcctgaa cgggttggat 960
 aaaacagtggt cagacctgcg caaagaaacc cgccaaggcc ttgcagaaca agccgcgctc 1020
 tccggctctgt tccaacctta caacgtgggt ggatccggcg gaggcggcac ttctgcgccc 1080
 65 gacttcaatg caggcggtac cggtatcggc agcaacagca gagcaacaac agcgaatatca 1140
 gcagcagtat cttacgcccg tatcaagaac gaaatgtgca aagacagaag catgctctgt 1200

ES 2 281 409 T3

5 gccgggtcggg atgacgttgc ggttacagac agggatgcca aatcaatgc ccccccccg 1260
 aatctgcata cgggagactt tccaaaccca aatgacgcat acaagaattt gatcaacctc 1320
 aaacctgcaa ttgaagcagg ctatacagga cgcgggtag aggtaggat cgtcgacaca 1380
 ggcgaatccg tcggcagcat atcctttccc gaactgtatg gcagaaaaga acacggctat 1440
 aacgaaaatt acaaaaacta tacggcgtat atgcggaagg aagcgcctga agacggaggc 1500
 ggtaaagaca ttgaagctt tttcgacgat gaggcggtta tagagactga agcaaagccg 1560
 acggatatcc gccacgtaaa agaaatcggg cacatcgatt tggctctcca tattattggc 1620
 gggcgttccg tggacggcag acctgcagge ggtattgccc ccgatgagac gctacacata 1680
 10 atgaaatcga atgatgaaac caagaacgaa atgatggttg cagccatccg caatgcatgg 1740
 gtcaagctgg gcgaacgtgg cgtgcgcatc gtcaataaca gttttggaac aacatcgagg 1800
 gcaggcactg ccgacctttt ccaaatagcc aattcggagg agcagtaccg ccaagcgttg 1860
 ctcgactatt ccggcgtgga taaaacagac gagggtatcc gcctgatgca acagagcgat 1920
 tacggcaacc tgtctacca catccgtaat aaaaacatgc ttttcatctt ttcgacagge 1980
 15 aatgacgcac aagctcagcc caacacatat gccctattgc cattttatga aaaagacgct 2040
 caaaaaggca ttatcacagt cgcaggcgta gaccgcagtg gagaaaagtt caaacgggaa 2100
 atgtatggag aaccgggtac agaaccgctt gagtatggct ccaaccattg cggaaattact 2160
 gccatgtggt gccctgctggc acctatgaa gcaagcgtcc gtttcaaccg tacaaceccg 2220
 attcaaatg ccggaacatc ctlttccgca cccatcgtaa ccggcacggc ggtctctgct 2280
 20 ctgcagaaat acccgtggat gagcaacgac aacctgcgta ccacgttget gacgacggct 2340
 caggacatcg gtgcagtcgg cgtggacagc aagttcggct ggggactgct ggtgcccgg 2400
 aaggccatga acggacccgc gtcctttccg ttcggcgact ttaccgcca tacgaaaggt 2460
 acatccgata ttgctactc ctccgtaac gacatttcag gcacgggagg cctgatcaaa 2520
 aaaggcggca gccaaactgca actgcacggc aacaacacct atacgggcaa aaccattatc 2580
 25 gaaggcgggt cgtcgtggtt gtacggyaac aacaaatcgg atatgcccgt cgaaaacaaa 2640
 ggtgcccgtg ttataacgg ggcggcater ggcggcagcc tgaacagcga cggcattgtc 2700
 tatctggcag ataccgacca atccggcgca aacgaaaccg tacacalcaa aggcagtctg 2760
 cagctggacg gcaaaaggtac gctgtacaca cgtttgggca aactgctgan agtggcgggt 2820
 acggcgatta tcggcggcaa gctgtacatg tcggcacgcy gcaagggggc aggctatctc 2880
 30 aacagtaccg gacgagctgt tcccttctg agtgcggcca aaatcgggca ggattattct 2940
 tcttccacaa acatcgaaac cgacgggggc ctgctggctt ccctcgacag cgtcgaanaa 3000
 acagcgggca gtgaaggcga cacgctgtcc tattatgtcc gtcggggcaa tgcggcacgg 3060
 actgcttcgg cagcggcaca ttcccgccc gccgggtctga aacacgccgt agaacagggc 3120
 ggcagcaatc tggaaaacct gatggtcgaa ctggatgctt ccgaatcctc cgcaacaccc 3180
 35 gagacggttg aaactgcggc agccgacccg acagatctgc cgggcatccg cccctacggc 3240
 gaaactttcc gcgcagcggc agccgtacag catgccaatg ccgcccagcg tgtacgcate 3300
 ttcaanagtc tcgcccgtcc cgtctatgce gacagtaccg ccgcccctgc cgatalgcag 3360
 ggacgcggcc tgaagccgtl atccggacgg ttggacccca accggcaggg tctgcccgtc 3420
 40 atccgcnaaa cccaacagga ccgttgaacg tgggaacagq ccggtcttga aggcaaaatg 3480
 cgcggcagta cccaaacctt cggcattgce gcgaaaaccg gcgaaaatac gacagcagcc 3540
 gccacactgg gcatygyacy ccgcacalgg agcgaauca gtgcaaaatgc aaaaaccgac 3600
 agcatttagtc tgtttgcagg catabggcac gatcggggcg atatcggcta tctcaaggc 3660
 ctgtttctct acgjacgcta caaaaacagc atcagccgca gcaccgggtc ggargaacat 3720
 45 gcggaaggca gcgtcaaccg caagctgatg cagctggggc cactyggcgg tgtcaacgtr 3780
 ccgtttgccc caacgggaga tttgacggtc gaaggcggtc tgcgctacga cctgctcaaa 3840
 caggatgcat tcccgaaaa aggcagtgct ttgggctgga gcggcaacag cctcactgan 3900
 ggcacgctgg tcggactcgt gggllctgaag ctgttcgcaac ccttgagcga taaagccgct 3960
 ctgtttgcaa cggcggggct ggaacgcgac ctgaaacggac gcgactacac ggtaacgggc 4020
 50 gqctttaccg gcgcgactgc agcaaccggc aagcaggggg cacgcaatat gccgcacacc 4080
 cgtctggctc ccggcctggg ccgggatgct gaattcggca accgctggaa nggcttggca 4140
 cgttacagct acgcggctc caaacagtac ggcacccaca ggggacgagt cggcgtagge 4200
 taaccggtctt gactcgag 4218

- 55 <210> 163
- <211> 1403
- 60 <212> PRT
- <213> Secuencia artificial
- <220>
- 65 <223> 961cL-983

ES 2 281 409 T3

<400> 163

5 Met Lys His Phe Pro Ser Lys Val Leu Thr Thr Ala Ile Leu Ala Thr
 1 5 10 15
 Phe Cys Ser Gly Ala Leu Ala Ala Thr Asn Asp Asp Asp Val Lys Lys
 20 25 30
 10 Ala Ala Thr Val Ala Ile Ala Ala Ala Tyr Asn Asn Gly Gln Glu Ile
 35 40 45
 Asn Gly Phe Lys Ala Gly Glu Thr Ile Tyr Asp Ile Asp Glu Asp Gly
 50 55 60
 15 Thr Ile Thr Lys Lys Asp Ala Thr Ala Ala Asp Val Glu Ala Asp Asp
 65 70 75 80
 20 Phe Lys Gly Leu Gly Leu Lys Lys Val Val Thr Asn Leu Thr Lys Thr
 85 90 95
 Val Asn Glu Asn Lys Gln Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala Glu
 100 105 110
 25 Ser Glu Ile Glu Lys Leu Thr Thr Lys Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala
 115 120 125
 30 Leu Ala Asp Thr Asp Ala Ala Leu Asp Ala Thr Thr Asn Ala Leu Asn
 130 135 140
 Lys Leu Gly Glu Asn Ile Thr Thr Phe Ala Glu Glu Thr Lys Thr Asn
 145 150 155 160
 35 Ile Val Lys Ile Asp Glu Lys Leu Glu Ala Val Ala Asp Thr Val Asp
 165 170 175
 40 Lys His Ala Glu Ala Phe Asn Asp Ile Ala Asp Ser Leu Asp Glu Thr
 180 185 190
 Asn Thr Lys Ala Asp Glu Ala Val Lys Thr Ala Asn Glu Ala Lys Glu
 195 200 205
 45 Thr Ala Glu Glu Thr Lys Glu Asn Val Asp Ala Lys Val Lys Ala Ala
 210 215 220
 Glu Thr Ala Ala Gly Lys Ala Glu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr
 225 230 235 240
 Ala Ala Asp Lys Ala Glu Ala Val Ala Ala Lys Val Thr Asp Ile Lys
 245 250 255
 55 Ala Asp Ile Ala Thr Asn Lys Asp Asn Ile Ala Lys Lys Ala Asn Ser
 260 265 270
 60 Ala Asp Val Tyr Thr Arg Glu Glu Ser Asp Ser Lys Phe Val Arg Ile
 275 280 285
 65

ES 2 281 409 T3

Asp Gly Leu Asn Ala Thr Thr Glu Lys Leu Asp Thr Arg Leu Ala Ser
 290 295 300
 5
 Ala Glu Lys Ser Ile Ala Asp His Asp Thr Arg Leu Asn Gly Leu Asp
 305 310 315 320
 10
 Lys Thr Val Ser Asp Leu Arg Lys Glu Thr Arg Gln Gly Leu Ala Glu
 325 330 335
 Gln Ala Ala Leu Ser Gly Leu Phe Gln Pro Tyr Asn Val Gly Gly Ser
 340 345 350
 15
 Gly Gly Gly Gly Thr Ser Ala Pro Asp Phe Asn Ala Gly Gly Thr Gly
 355 360 365
 Ile Gly Ser Asn Ser Arg Ala Thr Thr Ala Lys Ser Ala Ala Val Ser
 370 375 380
 20
 Tyr Ala Gly Ile Lys Asn Glu Met Cys Lys Asp Arg Ser Met Leu Cys
 385 390 395 400
 25
 Ala Gly Arg Asp Asp Val Ala Val Thr Asp Arg Asp Ala Lys Ile Asn
 405 410 415
 Ala Pro Pro Pro Asn Leu His Thr Gly Asp Phe Pro Asn Pro Asn Asp
 420 425 430
 30
 Ala Tyr Lys Asn Leu Ile Asn Leu Lys Pro Ala Ile Glu Ala Gly Tyr
 435 440 445
 35
 Thr Gly Arg Gly Val Glu Val Gly Ile Val Asp Thr Gly Glu Ser Val
 450 455 460
 Gly Ser Ile Ser Phe Pro Glu Leu Tyr Gly Arg Lys Glu His Gly Tyr
 465 470 475 480
 40
 Asn Glu Asn Tyr Lys Asn Tyr Thr Ala Tyr Met Arg Lys Glu Ala Pro
 485 490 495
 45
 Glu Asp Gly Gly Gly Lys Asp Ile Glu Ala Ser Phe Asp Asp Glu Ala
 500 505 510
 Val Ile Glu Thr Glu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Arg His Val Lys Glu
 515 520 525
 50
 Ile Gly His Ile Asp Leu Val Ser His Ile Ile Gly Gly Arg Ser Val
 530 535 540
 55
 Asp Gly Arg Pro Ala Gly Gly Ile Ala Pro Asp Ala Thr Leu His Ile
 545 550 555 560
 Met Asn Thr Asn Asp Glu Thr Lys Asn Glu Met Met Val Ala Ala Ile
 565 570 575
 60
 Arg Asn Ala Trp Val Lys Leu Gly Glu Arg Gly Val Arg Ile Val Asn
 580 585 590

65

ES 2 281 409 T3

Asn Ser Phe Gly Thr Thr Ser Arg Ala Gly Thr Ala Asp Leu Phe Gln
 595 600 605
 5 Ile Ala Asn Ser Glu Glu Gln Tyr Arg Gln Ala Leu Leu Asp Tyr Ser
 610 615 620
 Gly Gly Asp Lys Thr Asp Glu Gly Ile Arg Leu Met Gln Gln Ser Asp
 625 630 635 640
 10 Tyr Gly Asn Leu Ser Tyr His Ile Arg Asn Lys Asn Met Leu Phe Ile
 645 650 655
 15 Phe Ser Thr Gly Asn Asp Ala Gln Ala Gln Pro Asn Thr Tyr Ala Leu
 660 665 670
 Leu Pro Phe Tyr Glu Lys Asp Ala Gln Lys Gly Ile Ile Thr Val Ala
 675 680 685
 20 Gly Val Asp Arg Ser Gly Glu Lys Phe Lys Arg Glu Met Tyr Gly Glu
 690 695 700
 Pro Gly Thr Glu Pro Leu Glu Tyr Gly Ser Asn His Cys Gly Ile Thr
 705 710 715 720
 Ala Met Trp Cys Leu Ser Ala Pro Tyr Glu Ala Ser Val Arg Phe Thr
 725 730 735
 30 Arg Thr Asn Pro Ile Gln Ile Ala Gly Thr Ser Phe Ser Ala Pro Ile
 740 745 750
 Val Thr Gly Thr Ala Ala Leu Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Trp Met Ser
 755 760 765
 35 Asn Asp Asn Leu Arg Thr Thr Leu Leu Thr Thr Ala Gln Asp Ile Gly
 770 775 780
 Ala Val Gly Val Asp Ser Lys Phe Gly Trp Gly Leu Leu Asp Ala Gly
 785 790 795 800
 Lys Ala Met Asn Gly Pro Ala Ser Phe Pro Phe Gly Asp Phe Thr Ala
 805 810 815
 45 Asp Thr Lys Gly Thr Ser Asp Ile Ala Tyr Ser Phe Arg Asn Asp Ile
 820 825 830
 Ser Gly Thr Gly Gly Leu Ile Lys Lys Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu
 835 840 845
 His Gly Asn Asn Thr Tyr Thr Gly Lys Thr Ile Ile Gln Gly Gly Ser
 850 855 860
 55 Leu Val Leu Tyr Gly Asn Asn Lys Ser Asp Met Arg Val Glu Thr Lys
 865 870 875 880
 Gly Ala Leu Ile Tyr Asn Gly Ala Ala Ser Gly Gly Ser Leu Asn Ser
 885 890 895
 60
 65

ES 2 281 409 T3

Asp Gly Ile Val Tyr Leu Ala Asp Thr Asp Gln Ser Gly Ala Asn Glu
 900 905 910
 5 Thr Val His Ile Lys Gly Ser Leu Gln Leu Asp Gly Lys Gly Thr Leu
 915 920 925
 Tyr Thr Arg Leu Gly Lys Leu Leu Lys Val Asp Gly Thr Ala Ile Ile
 930 935 940
 10 Gly Gly Lys Leu Tyr Met Ser Ala Arg Gly Lys Gly Ala Gly Tyr Leu
 945 950 955 960
 15 Asn Ser Thr Gly Arg Arg Val Pro Phe Leu Ser Ala Ala Lys Ile Gly
 965 970 975
 Gln Asp Tyr Ser Phe Phe Thr Asn Ile Glu Thr Asp Gly Gly Leu Leu
 980 985 990
 20 Ala Ser Leu Asp Ser Val Glu Lys Thr Ala Gly Ser Glu Gly Asp Thr
 995 1000 1005
 Leu Ser Tyr Tyr Val Arg Arg Gly Asn Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ala
 1010 1015 1020
 25 Ala Ala His Ser Ala Pro Ala Gly Leu Lys His Ala Val Glu Gln Gly
 1025 1030 1035 1040
 30 Gly Ser Asn Leu Glu Asn Leu Met Val Glu Leu Asp Ala Ser Glu Ser
 1045 1050 1055
 Ser Ala Thr Pro Glu Thr Val Glu Thr Ala Ala Ala Asp Arg Thr Asp
 1060 1065 1070
 35 Met Pro Gly Ile Arg Pro Tyr Gly Ala Thr Phe Arg Ala Ala Ala
 1075 1080 1085
 Val Gln His Ala Asn Ala Ala Asp Gly Val Arg Ile Phe Asn Ser Leu
 1090 1095 1100
 40 Ala Ala Thr Val Tyr Ala Asp Ser Thr Ala Ala His Ala Asp Met Gln
 1105 1110 1115 1120
 45 Gly Arg Arg Leu Lys Ala Val Ser Asp Gly Leu Asp His Asn Gly Thr
 1125 1130 1135
 Gly Leu Arg Val Ile Ala Gln Thr Gln Gln Asp Gly Gly Thr Trp Glu
 1140 1145 1150
 50 Glu Gly Gly Val Glu Gly Lys Met Arg Gly Ser Thr Gln Thr Val Gly
 1155 1160 1165
 Ile Ala Ala Lys Thr Gly Glu Asn Thr Thr Ala Ala Ala Thr Leu Gly
 1170 1175 1180
 55 Met Gly Arg Ser Thr Trp Ser Glu Asn Ser Ala Asn Ala Lys Thr Asp
 1185 1190 1195 1200
 60
 65

ES 2 281 409 T3

5 Ser Ile Ser Leu Phe Ala Gly Ile Arg His Asp Ala Gly Asp Ile Gly
 1205 1210 1215

10 Tyr Leu Lys Gly Leu Phe Ser Tyr Gly Arg Tyr Lys Asn Ser Ile Ser
 1220 1225 1230

15 Arg Ser Thr Gly Ala Asp Glu His Ala Glu Gly Ser Val Asn Gly Thr
 1235 1240 1245

20 Leu Met Gln Leu Gly Ala Leu Gly Gly Val Asn Val Pro Phe Ala Ala
 1250 1255 1260

25 Thr Gly Asp Leu Thr Val Glu Gly Gly Leu Arg Tyr Asp Leu Leu Lys
 1265 1270 1275 1280

30 Gln Asp Ala Phe Ala Glu Lys Gly Ser Ala Leu Gly Trp Ser Gly Asn
 1285 1290 1295

35 Ser Leu Thr Glu Gly Thr Leu Val Gly Leu Ala Gly Leu Lys Leu Ser
 1300 1305 1310

40 Gln Pro Leu Ser Asp Lys Ala Val Leu Phe Ala Thr Ala Gly Val Glu
 1315 1320 1325

45 Arg Asp Leu Asn Gly Arg Asp Tyr Thr Val Thr Gly Gly Phe Thr Gly
 1330 1335 1340

50 Ala Thr Ala Ala Thr Gly Lys Thr Gly Ala Arg Asn Met Pro His Thr
 1345 1350 1355 1360

55 Arg Leu Val Ala Gly Leu Gly Ala Asp Val Glu Phe Gly Asn Gly Trp
 1365 1370 1375

60 Asn Gly Leu Ala Arg Tyr Ser Tyr Ala Gly Ser Lys Gln Tyr Gly Asn
 1380 1385 1390

65 His Ser Gly Arg Val Gly Val Gly Tyr Arg Phe
 1395 1400

45 <210> 164
 <211> 33
 <212> ADN
 50 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Oligonucleótido
 55 <400> 164

60 cgcggatccg ctagcaaac aaccgacaaa cgg

33

65 <210> 165
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>

ES 2 281 409 T3

	<p><223> Oligonucleótido</p>	
	<p><400> 165</p>	
5	cccgctcgag ttaccagcgg tagccta	27
	<p><210> 166</p>	
10	<211> 30 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<p><220></p>	
15	<223> Oligonucleótido	
	<p><400> 166</p>	
20	ctagctagcg gacacactta ttcgcatc	30
	<p><210> 167</p>	
25	<211> 32 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<p><220></p>	
30	<223> Oligonucleótido	
	<p><400> 167</p>	
35	cccgctcgag ttaccagcgg tagcctaatt tg	32
	<p><210> 168</p>	
40	<211> 10 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<p><220></p>	
45	<223> Oligonucleótido	
	<p><400> 168</p>	
50	cccgctcgag	10
	<p><210> 169</p>	
55	<211> 33 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<p><220></p>	
60	<223> Oligonucleótido	
	<p><400> 169</p>	
65	cgcggatccc atatgaaaac ctcttcaaa acc	33

ES 2 281 409 T3

	<210> 170	
	<211> 28	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 170	
	cccgcctcgag ttatttgct gcgccttc	28
15	<210> 171	
	<211> 35	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 171	
	gcggcattaa tatgtgaga aaattgtga aatgg	35
30	<210> 172	
	<211> 34	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 172	
	gcggcctcga gttattttt caaatatat ttgc	34
45	<210> 173	
	<211> 33	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 173	
	gcggccatat gttactaac cgttcaaaa tgt	33
60	<210> 174	
	<211> 31	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 174		
	gcggcctcga gttattccg aggttttcgg g		31
10	<210> 175		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 175		
	cgcgatccc atatgacacg ctcaaatat tc		32
25	<210> 176		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 176		
	ccgctcgag ttatttaaac cgataggtaa a		31
40	<210> 177		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 177		
	cgcgatccc atatgggcag ggaagaaccg c		31
55	<210> 178		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 178		
	gcccaagctt atcgatggaa tagccgcg		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 179	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 179	
	cgcggatccg ctagcaacgg ttggatgcc cg	32
15	<210> 180	
	<211> 30	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 180	
	cccgctcgag ttgtctaag ttctgatat	30
30	<210> 181	
	<211> 26	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 181	
	cccgctcgag attccacct gccatc	26
45	<210> 182	
	<211> 37	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 182	
	cgcggatccg ctagcatgaa ttgcctatt caaaaat	37
60	<210> 183	
	<211> 29	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 183		
	cccgctcgag ttaattccca cctgccatc		29
10	<210> 184		
	<211> 37		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 184		
	cgcgatccg ctagcatgaa ttgcctatt caaaaat		37
25	<210> 185		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 185		
	cccgctcgag ttggacgatg cccgcga		27
40	<210> 186		
	<211> 37		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 186		
	cgcgatccg ctagcatgaa ttgcctatt caaaaat		37
55	<210> 187		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 187		
	cccgctcgag ttattggacg atgcccgc		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 188	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 188	
	cgcgatccc atatgatcg caaactgatt gc	32
15	<210> 189	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 189	
	cccgctcgag ctaatcgatg gaatagcc	28
30	<210> 190	
	<211> 32	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 190	
	cgcgatccc atatgaaca gacagtcaa tg	32
45	<210> 191	
	<211> 28	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 191	
	cccgctcgag tcaataacc gccttcag	28
60	<210> 192	
	<211> 45	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 192		
	cgcgatccc atatgtaacg ttgactgct ttagcctat gcacc		45
10	<210> 193		
	<211> 40		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 193		
	cccgctcgag ttattttgcc gcgttaaag cgtcggcaac		40
25	<210> 194		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 194		
	cgcgatccc atatgaacaa aatataccgc at		32
40	<210> 195		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 195		
	cccgctcgag ttaccactga taaccgac		28
55	<210> 196		
	<211> 34		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 196		
	cgcgatccc atatgaccga tgacacgat ttat		34

ES 2 281 409 T3

	<210> 197	
	<211> 28	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 197	
	gccaagctt cactgataa ccgacaga	28
15	<210> 198	
	<211> 32	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 198	
	cgcgatccc atatgaaca aatatccgc at	32
30	<210> 199	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 199	
	gccaagctt ttaccactga taaccgac	28
45	<210> 200	
	<211> 34	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 200	
	gggaattcca tatggcatt tccgcaaaa tatc	34
60	<210> 201	
	<211> 40	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 201		
	cccgctcgag ttatttactc ctataacgag gtctcttaac		40
10	<210> 202		
	<211> 36		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 202		
	gggaattcca tatgtcagat ttggcaaacg attctt		36
25	<210> 203		
	<211> 40		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 203		
	cccgctcgag ttatttactc ctataacgag gtctcttaac		40
40	<210> 204		
	<211> 34		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 204		
	gggaattcca tatgggcatt tcccgcaaaa tatc		34
55	<210> 205		
	<211> 32		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 205		
	cccgctcgag ttacgtatca tatttcacgt gc		32

ES 2 281 409 T3

	<210> 206	
	<211> 35	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 206	
	gggaattcca tatgcacgtg aaatatgata cgaag	35
15	<210> 207	
	<211> 37	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 207	
	cccgctcgag ttactcct taacgagtc tctaac	37
30	<210> 208	
	<211> 36	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 208	
	gggaattcca tatgcagat ttgcaaacg attctt	36
45	<210> 209	
	<211> 29	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 209	
	cccgctcgag cgtatcatat ttcacgtgc	29
60	<210> 210	
	<211> 36	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 210		
	gggaattcca tatgtcagat ttgcaaacg attctt		36
10	<210> 211		
	<211> 37		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 211		
	cccgctcgag ttfactccta taacgagtc tcttaac		37
25	<210> 212		
	<211> 35		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 212		
	cgcgatccc atatcaaaa tgcgttcaaa atccc		35
40	<210> 213		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 213		
	cgcgatccc atatgaacaa aatataccgc at		32
55	<210> 214		
	<211> 29		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 214		
	cccgctcgag ttgctttcg atagaacgg		29

ES 2 281 409 T3

	<210> 215	
	<211> 34	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 215	
	gcggccatat ggtcataaaa tatacaaatt tga	34
15	<210> 216	
	<211> 34	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 216	
	gcggcctcga gttagcctga gaccttgca aatt	34
30	<210> 217	
	<211> 30	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 217	
	gcggccatat gaaacagaaa aaaaccgctg	30
45	<210> 218	
	<211> 32	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 218	
	gcggcctcga gttacggttt gacaccgttt tc	32
60	<210> 219	
	<211> 30	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 219		
	cgcgatccc atatgaaaac cctgctcctc		30
10	<210> 220		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 220		
	cccgctcgag ttatcctcct ttgcggc		27
25	<210> 221		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 221		
	gcggccatat ggcaaaaatg atgaaatggg		30
40	<210> 222		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 222		
	gcggcctcga ggtatcggcg cggcgggcc		29
55	<210> 223		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 223		
	gcggccatat gaaaaaatcc tcctcatca		30

ES 2 281 409 T3

	<210> 224	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 224	
	gcggcctcga gttattgcc gccgttttg gc	32
15	<210> 225	
	<211> 31	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 225	
	gcggccatat ggcccctgcc gacgcggtaa g	31
30	<210> 226	
	<211> 33	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 226	
	gcggcctcga gttgcccgc gtttttgct ttc	33
45	<210> 227	
	<211> 30	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 227	
	gcggccatat gaaacacata ctcccctga	30
60	<210> 228	
	<211> 32	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 228		
	gcggcctcga gttattcgcc tacggtttt tg		32
10	<210> 229		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 229		
	gcggccatat gatttacatc gtactgttc		30
25	<210> 230		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 230		
	gcggcctcga gtaggagaa caggcgaat gc		32
40	<210> 231		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 231		
	gcggccatat gtacaacatg tadcaggaaa ac		32
55	<210> 232		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 232		
	gcggcctcga gggagaacag gcgcaatgcg g		31

ES 2 281 409 T3

	<210> 233	
	<211> 29	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 233	
	cgcggatccg ctagctgcgg cacggcggg	29
15	<210> 234	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 234	
	cccgctcgag ataacggtat gccgccag	28
30	<210> 235	
	<211> 31	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 235	
	cgcggatccc atatggaatc aacacttca c	31
45	<210> 236	
	<211> 27	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 236	
	cccgctcgag ttacacgagg ttgctgt	27
60	<210> 237	
	<211> 31	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 237		
	cgcgatccc atatgaaca cagacattt g		31
10	<210> 238		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 238		
	cccgctcgag ttacctgtcc ggtaaaag		28
25	<210> 239		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 239		
	cgcgatccg ctaccaccgt catcaaacag gaa		33
40	<210> 240		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 240		
	cccgctcgag tcaagattcg acgggga		27
55	<210> 241		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 241		
	cgcgatccc atatgtccgc aaacgaatac g		31

ES 2 281 409 T3

	<210> 242	
	<211> 28	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 242	
	cccgctcgag tcagtgttct gccagttt	28
15	<210> 243	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 243	
	cgcggatccc atatgccgtc tgaaacacg	29
30	<210> 244	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 244	
	cccgctcgag ttagcggagc agtttttc	28
45	<210> 245	
	<211> 28	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 245	
	cgcggatccc atatgaccgc catcagcc	28
60	<210> 246	
	<211> 27	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 246		
	cccgctcgag ttaaagccgg gtaacgc		27
10	<210> 247		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 247		
	gcggccatat ggaaacacag cttfacatcg g		31
25	<210> 248		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 248		
	gcggcctcga gtcaataata atatcccgcg		30
40	<210> 249		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 249		
	gcggccatat gattaaatc cgcaatatcc		30
55	<210> 250		
	<211> 36		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 250		
	gcggcctcga gttaaatctt ggtagattgg atttgg		36

ES 2 281 409 T3

	<210> 251	
	<211> 30	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 251	
	gcggccatat gactgacaac gcactgctcc	30
15	<210> 252	
	<211> 31	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 252	
	gcggcctcga gtcagaccgc gttgctgaaa c	31
30	<210> 253	
	<211> 32	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 253	
	cgcggatccc atatggcggtt aaaaacatca aa	32
45	<210> 254	
	<211> 27	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 254	
	cccgctcgag tcagcccttc atacagc	27
60	<210> 255	
	<211> 32	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 255		
	gcggcattaa tggcacaac tacactcaaa cc		32
10	<210> 256		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 256		
	gcggcctcga gtaaaact cacgttcacg ccg		33
25	<210> 257		
	<211> 34		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 257		
	gcggcattaa tgcataaac tgagcaatcg gtgg		34
40	<210> 258		
	<211> 38		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 258		
	gcggcctcga gaaactcac gttcacgccg ccgtaaa		38
55	<210> 259		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 259		
	cgcgatccc atatgggcaa atccgaaaat acg		33

ES 2 281 409 T3

	<210> 260	
	<211> 26	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 260	
	cccgctcgag ataatggcgg cggcgg	26
15	<210> 261	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 261	
	cgcgatccc atatgttcc ccccgaca	29
30	<210> 262	
	<211> 31	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 262	
	cccgctcgag tcattctgta aaaaaagtat g	31
45	<210> 263	
	<211> 32	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 263	
	cgcgatccc atatgctca aagcgacagc ag	32
60	<210> 264	
	<211> 29	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 264		
	cccgctcgag ttcggat ttcggtactc		29
10	<210> 265		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 265		
	cgcgatccc atatggcaat ggcagaaaac g		31
25	<210> 266		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 266		
	cccgctcgag ctatacaatc cgtgccg		27
40	<210> 267		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 267		
	cgcgatccc atatggatc tttttcaaa cc		32
55	<210> 268		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 268		
	cccgctcgag tcagtcaga aagcggg		27

ES 2 281 409 T3

	<210> 269	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 269	
	cgcgatccc atatgaaacc ttgattta gg	32
15	<210> 270	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 270	
	cccgctcgag ttattgggc tgctctc	28
30	<210> 271	
	<211> 30	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 271	
	cgcgatccc atatggaat cgtctggtg	30
45	<210> 272	
	<211> 27	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 272	
	cccgctcgag ctacgactg gttaccg	27
60	<210> 273	
	<211> 33	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 273		
	gcgccatat gagacgtaaa atgctaaagc tac		33
10	<210> 274		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 274		
	gcggcctcga gtcaaagtgt tctgtttgcg c		31
25	<210> 275		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 275		
	gcccctatat gttgacttta acccgaaaaa		30
40	<210> 276		
	<211> 34		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 276		
	gcccctcga ggccggcgt caataccgcc cgaa		34
55	<210> 277		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 277		
	cgcgatccc atatggcgca atcgatttg ac		32

ES 2 281 409 T3

	<210> 278	
	<211> 27	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 278	
	cccgctcgag ttcggcggta aatgccg	27
15	<210> 279	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 279	
	gcggccatat ggcggggccg attttgt	28
30	<210> 280	
	<211> 33	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 280	
	gcggcctcga gttattgct ttcagtatta ttg	33
45	<210> 281	
	<211> 30	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 281	
	gcggccatat gaacttgct ttatccgtca	30
60	<210> 282	
	<211> 32	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 282		
	gcggcctcga gttaacggca gtattgtt ac		32
10	<210> 283		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 283		
	cgcgatccc atatgggtt gcgcttcggg c		31
25	<210> 284		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 284		
	gccaagctt tttccttg ccgttccg		29
40	<210> 285		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 285		
	cgcgatccc atatggcca ctttccgaa aa		32
55	<210> 286		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 286		
	cccgtcgag gaagcgcgtt cccaagc		27

ES 2 281 409 T3

	<210> 287	
	<211> 29	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 287	
	cgcgatccc atatgcacga caccgtac	29
15	<210> 288	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 288	
	cccgtcgag ttagaagcgc gttcccaa	28
30	<210> 289	
	<211> 34	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 289	
	ctagctagct ttaaagcag cgtaatcgca atgg	34
45	<210> 290	
	<211> 31	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 290	
	cccgtcgag tcaatctgc tctttttgc c	31
60	<210> 291	
	<211> 25	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 291		
	ctagctagcg ggggcggcgg tggcg		25
10	<210> 292		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 292		
	cccgctcgag tcaatcctgc tctttttgc c		31
25	<210> 293		
	<211> 40		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 293		
	ctagctagcg ctcatcctcg ccgcctgcgg gggcggcgg		40
40	<210> 294		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 294		
	cccgctcgag tcaatcctgc tctttttgc c		31
55	<210> 295		
	<211> 25		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 295		
	cgggatccg gggcggcgg tggcg		25

ES 2 281 409 T3

	<210> 296	
	<211> 31	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 296	
	cccgctcgag tcaatcctgc tctttttgc c	31
15	<210> 297	
	<211> 25	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 297	
	ctagctagcg ggggcggcgg tggcg	25
30	<210> 298	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 298	
	cccgctcgag atcctgctct ttttgcc	28
45	<210> 299	
	<211> 28	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 299	
	ctagctagct gcgggggcgg cggcggcg	28
60	<210> 300	
	<211> 28	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 300		
	cccgctcgag atcctgctct ttttgcc		28
10	<210> 301		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 301		
	cgcgatccg ctagccccgatgtaaactg gc		32
25	<210> 302		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 302		
	cgcgatccg ctagccaaga tatggcggca gt		32
40	<210> 303		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 303		
	cgcgatccg ctagcggcga atccgcaaat ca		32
55	<210> 304		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 304		
	cgcgctagcg gaagggtga tttgctaataat gg		32

ES 2 281 409 T3

	<210> 305	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 305	
	cgcgctagcg gaaggggtga ttggctaataat gg	32
15	<210> 306	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 306	
	cgccatatgt ttaaaccgag cgtaatacgc	29
30	<210> 307	
	<211> 34	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 307	
	cccgcctcgag aaaattgcta ccgccattcg cagg	34
45	<210> 308	
	<211> 32	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 308	
	cgccatatgg gaaggggtga ttggctaataat gg	32
60	<210> 309	
	<211> 38	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 309		
	cccgctcgag cttgtcttta taaatgatga catattg		38
10	<210> 310		
	<211> 40		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 310		
	cccgctcgag tttataaaag ataatatatt gattgattcc		40
25	<210> 311		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 311		
	cgcgctagca tgccgctgat tcccgtaat c		31
40	<210> 312		
	<211> 25		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 312		
	ctagctagcg gggcgggcgg tggcg		25
55	<210> 313		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 313		
	cccgctcgag tcaatcctgc tctttttgc c		31

ES 2 281 409 T3

	<210> 314	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 314	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
15	<210> 315	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 315	
	cccgctcgag atcctgctct ttttgcc	28
30	<210> 316	
	<211> 32	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 316	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaatcg gc	32
45	<210> 317	
	<211> 31	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 317	
	cccgctcgag tcaatctgc tctttttgc c	31
60	<210> 318	
	<211> 87	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> Oligonucleótido

5 <400> 318

```
cgcggatecgg ctagctttga acgcagtgg attgcaatgg ettgtatttt tgcctttca 60
gcctgttcgc ccgatgtaa atcggcg 87
```

10 <210> 319

<211> 31

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Oligonucleótido

20 <400> 319

```
cccgtcggag tcaatcctgc tctttttgc c
```

31

25 <210> 320

<211> 90

<212> ADN

30 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Oligonucleótido

35 <400> 320

```
cgcggatecgg ctacccaaac ctctctttaa accttttccg ccggcggact cggcctcacc 60
```

40

```
ctcgcacccct gctcccccga tcttcaatcg 90
```

45 <210> 321

<211> 31

<212> ADN

50 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Oligonucleótido

55 <400> 321

```
cccgtcggag tcaatcctgc tctttttgc c
```

31

60 <210> 322

<211> 33

<212> ADN

65 <213> Secuencia artificial

<220>

ES 2 281 409 T3

	<223> Oligonucleótido	
	<400> 322	
5	cgcggatccc atatgaaaac caagttaatc aaa	33
	<210> 323	
10	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 323	
20	cccgctcgag ttattgattt ttgcggatga	30
	<210> 324	
25	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 324	
35	cgcggatccc atatgttaa tegggtattt tate	34
	<210> 325	
40	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 325	
50	cccgctcgag ttaatccgcc attccctg	28
	<210> 326	
55	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 326	
65	gcggccatat gaaattacaa caattggctg	30

ES 2 281 409 T3

	<210> 327	
	<211> 31	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 327	
	gcggcctcga gttaccttac gttttcaaa g	31
15	<210> 328	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 328	
	cgcgatccc atatgcaagc acggctgct	29
30	<210> 329	
	<211> 29	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 329	
	cccgctcgag tcaaggtgt ccttgctca	29
45	<210> 330	
	<211> 30	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 330	
	cgcgatccc atatgatgaa accgcacaac	30
60	<210> 331	
	<211> 28	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 331		
	cccgctcgag tcagttgctc aacacgtc		28
10	<210> 332		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 332		
	cgcgatccc atatggtaga cgcgcttaag ca		32
25	<210> 333		
	<211> 25		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 333		
	cccgctcgag agctgcatgg cggcgc		25
40	<210> 334		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 334		
	cgcgatccc atatggcacg gtcgttatac		30
55	<210> 335		
	<211> 26		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 335		
	cccgctcgag ctaccgcgca ttctg		26

ES 2 281 409 T3

	<210> 336		
	<211> 31		
	<212> ADN		
5	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
10	<400> 336		
	gcggccatat ggaatttttc attatctgt t		31
15	<210> 337		
	<211> 31		
	<212> ADN		
20	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
25	<400> 337		
	gcggcctcga gttatttggc ggttttgctg c		31
30	<210> 338		
	<211> 32		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
40	<400> 338		
	gcggccatat gaagtatgtc cggttattt tc		32
45	<210> 339		
	<211> 30		
	<212> ADN		
50	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
55	<400> 339		
	gcggcctcga gttatcggtc tggcaacgg		30
60	<210> 340		
	<211> 32		
	<212> ADN		
65	<213> Secuencia artificial		

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 340		
	cgcggatccg ctagctccgg cagcaaaacc ga		32
10	<210> 341		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 341		
	gcccaagctt acgcagttcg gaatggag		28
25	<210> 342		
	<211> 35		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 342		
	gccgcatat gttgaatatt aaactgaaaa ccttg		35
40	<210> 343		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 343		
	gccgectega gttattctg atgcctttc cc		32
55	<210> 344		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 344		
	gccgcatat ggacaataag accaaactg		29

ES 2 281 409 T3

	<210> 345	
	<211> 30	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 345	
	gccgcctcga gttaacggcg cggacgttcc	30
15	<210> 346	
	<211> 32	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 346	
	cgcggatccc atatgaacaa actgtttctt ac	32
30	<210> 347	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 347	
	cccgcctcga tcattccgcc ttcagaaa	28
45	<210> 348	
	<211> 45	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 348	
	cgcggatccc atatgcaagg ttcgttgcc gacaaatccg cacct	45
60	<210> 349	
	<211> 42	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 349		
	cccgcctcgag agctaattgt gcttggttg cagataggag tt		42
10	<210> 350		
	<211> 52		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 350		
	cgcgatccc atatgaaccg caccctgtac aaagttgtat ttaacaaaca tc		52
25	<210> 351		
	<211> 45		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 351		
	cccgcctcgag ttaagctaat tgtgcttggg ttgcagatag gagtt		45
40	<210> 352		
	<211> 46		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 352		
	cgcgatccc atatgacggg agaaaatcat gcggtttcac ttcattg		46
55	<210> 353		
	<211> 42		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 353		
	cccgcctcgag agctaattgt gcttggttg cagataggag tt		42

ES 2 281 409 T3

	<210> 354	
	<211> 51	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 354	
	cgcgatccc atatggttc agacggccta tacaaccaac atggtgaaat t	51
15	<210> 355	
	<211> 41	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 355	
	cccgctcgag gcgtaactg ccgcttgacac tgaatccgta a	41
30	<210> 356	
	<211> 46	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 356	
	cgcgatccc atatgacggg agaaaatcat gcggttcac tcatg	46
45	<210> 357	
	<211> 41	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 357	
	cccgctcgag gcgtaactg ccgcttgacac tgaatccgta a	41
60	<210> 358	
	<211> 49	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
5	<400> 358	
	cgcggatccc atatgcaaag caaagtcaaa gcagcccatg cctccgtaa	49
10	<210> 359	
	<211> 56	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
20	<400> 359	
	cccgcctcgag tcttttcctt tcaattataa cttagtagg tcaattttg gtcccc	56
25	<210> 360	
	<211> 51	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
35	<400> 360	
	cgcggatccc atatggtttc agacggccta tacaaccaac atggtgaaat t	51
40	<210> 361	
	<211> 56	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
50	<400> 361	
	cccgcctcgag tcttttcctt tcaattataa cttagtagg tcaattttg gtcccc	56
55	<210> 362	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 362	
	gcgccatat gaccggtttg acccgcg	27

ES 2 281 409 T3

	<210> 363	
	<211> 31	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 363	
	gcggcctcga gtcagcgggc gttcatttct t	31
15	<210> 364	
	<211> 33	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 364	
	cgcggatccc atatgaacac catttcaaa atc	33
30	<210> 365	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 365	
	cccgcctcgag ttaatttact tttgatgt cg	32
45	<210> 366	
	<211> 28	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 366	
	gcggccatat ggattcgccc aaggctcg	28
60	<210> 367	
	<211> 31	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 367		
	gcggcctcga gctaccttc ccccgaagtg g		31
10	<210> 368		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 368		
	cgcggatccc atatgatagt tgaccaaac c		31
25	<210> 369		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 369		
	cccgcctcga ttattttcc gattttcgg		30
40	<210> 370		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 370		
	gcgccatat gcttgaactg aacggact		28
55	<210> 371		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 371		
	gcggcctcga gtcagcggaa gcggacgatt		30

ES 2 281 409 T3

	<210> 372	
	<211> 34	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 372	
	cgcggatccc atatgtccaa actcaaaacc atcg	34
15	<210> 373	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 373	
	cccgctcgag gttccaatc agtttgacc	29
30	<210> 374	
	<211> 32	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 374	
	gcgccatat gagcgcaatc gttgatatt tc	32
45	<210> 375	
	<211> 34	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 375	
	gcggcctcga gttattgcc cagttgtag aatg	34
60	<210> 376	
	<211> 32	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 376		
	gcggccatat ggtgatacat ccgcactact tc		32
10	<210> 377		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 377		
	gcggcctcga gtcaaaatcg agtttacac ca		32
25	<210> 378		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 378		
	gcggccatat gaccatctat ttcaaaaacg g		31
40	<210> 379		
	<211> 34		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 379		
	gcggcctcga gtcagccgat gtttagcgtc catt		34
55	<210> 380		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 380		
	cgcgatccc atatgagcag cggagggggt g		31

ES 2 281 409 T3

<210> 381
<211> 27
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 381

cccgctcgag ttgcttggcg gcaaggc 27

15
<210> 382
<211> 31
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 382

cgcgatccc atatggtcgc cgccgacatc g 31

30
<210> 383
<211> 27
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 383

cccgctcgag ttgcttggcg gcaaggc 27

45
<210> 384
<211> 31
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 384

cgcgatccc atatgggcgg ttcggaaggc g 31

60
<210> 385
<211> 33
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 385		
	cccgctcgag tgaacctg atgtctttc cga		33
10	<210> 386		
	<211> 35		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 386		
	cgcgatccg ctagcaact gtcgttggtg ttaac		35
25	<210> 387		
	<211> 26		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 387		
	cccgctcgag ttgaccgct ccacgg		26
40	<210> 388		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 388		
	gccgcatat ggcggactg gcgcaagacc c		31
55	<210> 389		
	<211> 39		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 389		
	gccgcctega gatctctaa acctgttta acaatgccg		39

ES 2 281 409 T3

<210> 390
<211> 31
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 390
gcccctat ggcggacttg gcgcaagacc c 31

<210> 391
<211> 31
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 391
gcgccctcga gctccatgct gttgccccag c 31

<210> 392
<211> 31
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 392
gcccctat ggcggacttg gcgcaagacc c 31

<210> 393
<211> 31
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 393
gcgccctcga gaaaatcccc gctaaccgca g 31

<210> 394
<211> 31
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 394		
	cgcggatccc atatgagcag cggagggggt g		31
10	<210> 395		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 395		
	cccgctcgag ttgcttgcg gcaaggc		27
25	<210> 396		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 396		
	cgcggatccc atatggtcgc cgccgacatc g		31
40	<210> 397		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 397		
	cccgctcgag ttgcttgcg gcaaggc		27
55	<210> 398		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 398		
	cgcggatccc atatggacgg tttgtgcct gtt		33

ES 2 281 409 T3

<210> 399
<211> 29
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 399

cccgctcgag cttacggatc aaattgacg 29

15
<210> 400
<211> 33
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 400

cgcgatccc atatgggcag ccaatctgaa gaa 33

30
<210> 401
<211> 28
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 401

cccgctcgag ctcagctttt gccgtaa 28

45
<210> 402
<211> 33
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 402

cgcgatccg ctagtactc atccattgtc cgc 33

60
<210> 403
<211> 29
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
5	<400> 403	
	cccgctcgag ccagttgtag cctatttg	29
10	<210> 404	
	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
20	<400> 404	
	cgcggatccg ctagcatgcg cttcacacac ac	32
25	<210> 405	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
35	<400> 405	
	cccgctcgag ttaccagttg tagcctatt	30
40	<210> 406	
	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
50	<400> 406	
	gccgcatat ggcacaaacg gaaggttgg aa	32
55	<210> 407	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 407	
	gccgcctcga gaaaactgta acgcaggttt gccgtc	36

ES 2 281 409 T3

<210> 408
<211> 32
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 408
gcgccatat ggaagaaca ccgcgcgaac cg 32

15
<210> 409
<211> 32
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 409
gcgccctcga ggaacgtttt attaaactg ac 32

30
<210> 410
<211> 32
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 410
gcgccatat gaaaaaccg accgataccc ta 32

45
<210> 411
<211> 33
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 411
gcgccctcga gtcaacgcca ctgccagcgg ttg 33

60
<210> 412
<211> 48
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>
<223> Oligonucleótido

5 <400> 412
cgcggatccc atatgaagaa gaacatattg gaattttggg teggactg 48

10 <210> 413
<211> 38
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

15 <220>
<223> Oligonucleótido

20 <400> 413
cccgctcgag ttattcggcg gcttttccg cattgccg 38

25 <210> 414
<211> 103
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

30 <220>
<223> Oligonucleótido

35 <400> 414
gggaattcca tatgaaaaag acagctatcg cgattgcagt ggcactggct ggtttcgcta 60
ccgtagcgca ggccgctagc gctttccgcg tggccggcgg tgc 103

40 <210> 415
<211> 38

45 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
50 <223> Oligonucleótido

<400> 415
55 cccgctcgag ttattcggcg gcttttccg cattgccg 38

<210> 416
<211> 32

60 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
65 <223> Oligonucleótido

ES 2 281 409 T3

	<400> 416	
	catgccatgg cttccgcgt ggccggcggg gc	32
5	<210> 417	
	<211> 38	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 417	
	cccgctcgag ttattcggcg gcttttccg cattgccg	38
20	<210> 418	
	<211> 31	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 418	
	cgcggatccc atatgtttgc cgaaaccgc c	31
35	<210> 419	
	<211> 28	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 419	
	cccgctcgag agttgtgtt ccaggtg	28
50	<210> 420	
	<211> 31	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 420	
	cgcggatccc atatgaaaa aaccgcctat g	31
65	<210> 421	
	<211> 28	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 421	
10	cccgctcgag ttaaggtgt gttccagg	28
	<210> 422	
15	<211> 33	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 422	
25	cgcgatccc atatgaaaa atacctattc cgc	33
	<210> 423	
30	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 423	
40	cccgctcgag ttacgggagg tattcgg	27
	<210> 424	
45	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 424	
55	cgcgatccc atatgcaaag caagagcatc caaa	34
	<210> 425	
60	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

<400> 425
cccgctcgag ttacgggcgg tattcgg 27

5 <210> 426
<211> 86
<212> ADN
10 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
15 <400> 426

gggaattcca tatgaaacc ttcttcaaaa ccttttccgc cgcgcgcta gcgctcatcc 60
tgcgcgctg ccaaagcaag agcatc 86

20 <210> 427
<211> 38
<212> ADN
25 <213> Secuencia artificial

<220>
30 <223> Oligonucleótido

<400> 427

35 cccgctcgag ttacgggcgg tattcggct tcataccg 38

<210> 428
<211> 33
40 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
45 <223> Oligonucleótido

<400> 428

50 cgcggatccg tcgactgtgg gggcggcggt ggc 33

<210> 429
<211> 31
55 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
60 <223> Oligonucleótido

<400> 429

65 cccgctcgag tcaatcctgc tctttttgc c 31

<210> 430

ES 2 281 409 T3

	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 430	
	gcgccatat gaagaaaaca ttgactgc	30
15	<210> 431	
	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 431	
	gcggcctcga gttaatggtg cgaatgaccg at	32
30	<210> 432	
	<211> 46	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 432	
	ggggacaagt ttgtacaaa aagcaggctt gcggcaagga tgccgg	46
45	<210> 433	
	<211> 47	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 433	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc taaagcaaca atgccgg	47
60	<210> 434	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	

ES 2 281 409 T3

<223> Oligonucleótido

<400> 434

5 cgcgatccc atatgaaca caccgatcc 30

<210> 435

10 <211> 26
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

15 <220>
<223> Oligonucleótido

<400> 435

20 cccgctcgag ttatctcgtg cgcgcc 26

<210> 436

25 <211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

30 <220>
<223> Oligonucleótido

<400> 436

35 cgcgatccc atatgagccc cgcgccgatt 30

<210> 437

40 <211> 28
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> Oligonucleótido

<400> 437

50 cccgctcgag ttttgtgcg gtcaggcg 28

<210> 438

55 <211> 62
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

60 <220>
<223> Oligonucleótido

<400> 438

65 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcctt gttcgttttgg gggatttaaa ccaaaccaaa 60
tc 62

ES 2 281 409 T3

<210> 439
<211> 30
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 439

cgcgatccc atatggcgga tgcgccgcg 30

15
<210> 440
<211> 26
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 440

cccgtcgag aaaccgcaa tccgcc 26

30
<210> 441
<211> 61
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 441

ggggaccact tggTacaaga aagctgggtt cattttgllt ttccttcttc tggaggccat 60
45 t 61

<210> 442
<211> 30
50 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
55 <223> Oligonucleótido

<400> 442

60 cgcgatccc atatgaacc caaacgcac 30

<210> 443
<211> 27
65 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 443		
	gggaattcca tatgaaaaa atcatcttcg ccg		33
10	<210> 444		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 444		
	cccgctcgag ttattggttg gctgcctcga t		31
25	<210> 445		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 445		
	gggaattcca tatggccacc tacaagtgg acg		33
40	<210> 446		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 446		
	cgggatcct tgtttgctg cctcgattg		30
55	<210> 447		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 447		
	cgcgatccc atatgcaaga acaatcgag aaag		34

ES 2 281 409 T3

	<210> 448	
	<211> 34	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 448	
	cccgctcgag tttttcggc aaattggctt	30
15	<210> 449	
	<211> 30	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 449	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctg cccgatgccgt tgcgg	45
30	<210> 450	
	<211> 45	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 450	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt cagggtcgtt tgttcg	47
45	<210> 451	
	<211> 47	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 451	
	cgccgatccc atatgaaca cttccatcc	30
60	<210> 452	
	<211> 30	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 452		
	cgcgatccc atatgaaaca cttccatcc		30
10	<210> 453		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 453		
	cccgctcgag ttaccactcg taattgac		28
25	<210> 454		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 454		
	cgcgatccc atatggccac aagcgacgac		30
40	<210> 455		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 455		
	cccgctcgag ttaccactcg taattgac		28
55	<210> 456		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 456		
	cgcgatccc atatggccac aaacgacg		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 457	
	<211> 28	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 457	
	cccgctcgag acccacgttg taaggtg	28
15	<210> 458	
	<211> 32	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 458	
	cgcgatccc atatggccac aagcgacgac ga	32
30	<210> 459	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 459	
	cccgctcgag acccacgttg taaggtg	28
45	<210> 460	
	<211> 33	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 460	
	cgcgatccc atatgatgaa acacttcca tcc	33
60	<210> 461	
	<211> 29	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 461		
	cccgctcgag ttaaccacg ttgtaaggt		29
10	<210> 462		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 462		
	cgcggatccc atatgatgaa acactttcca tcc		33
25	<210> 463		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 463		
	cccgctcgag ttaaccacg ttgtaaggt		29
40	<210> 464		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 464		
	cgcggatccc atatggccac aaacgacg		28
55	<210> 465		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 465		
	cccgctcgag gtctgacact gttttatcc		29

ES 2 281 409 T3

	<210> 466	
	<211> 33	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 466	
	cgcgatccc atatgatgaa acacttcca tcc	33
15	<210> 467	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 467	
	cccgtcgag ttatgcttg gcgcaaag	29
30	<210> 468	
	<211> 29	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 468	
	cgcgatccc atatggccac aaacgacgac	30
45	<210> 469	
	<211> 27	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 469	
	cgcgatccc cactcgaat tgacgcc	27
60	<210> 470	
	<211> 30	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 470		
	cgcgatccc atatggccac aagegacgac		30
10	<210> 471		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 471		
	cgcgatccc cactcgtaat tgacgcc		27
25	<210> 472		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 472		
	cgcgatccc atatggccac aaacgacgac		30
40	<210> 473		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 473		
	cgcgatcca cccacgttg aaggtg		27
55	<210> 474		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 474		
	cgcgatccc atatgatgaa acactttcca tcc		33

ES 2 281 409 T3

	<210> 475	
	<211> 27	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 475	
	cgcggatcca cccacgttgt aaggttg	27
15	<210> 476	
	<211> 25	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 476	
	cgcggatccg gagggggtgg tgtcg	25
30	<210> 477	
	<211> 27	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 477	
	cccgctcgag ttgcttggcg gcaaggc	27
45	<210> 478	
	<211> 25	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 478	
	cgcggatccg gcggaggcgg cactt	25
60	<210> 479	
	<211> 26	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 479		
	cccgctcgag gaaccggtag cctacg		26
10	<210> 480		
	<211> 41		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 480		
	cgcgatccg gtggtggtgg ttcagattg gcaaacgatt c		41
25	<210> 481		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 481		
	cccgctcgag cgtatcatat ttcacgtgc		29
40	<210> 482		
	<211> 25		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 482		
	cgcgatccg gaggggtgg tgtcg		25
55	<210> 483		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 483		
	cccgctcgag ttattgcttg gcggcaag		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 484	
	<211> 25	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 484	
	cgcgatccg gcggaggcgg cactt	25
15	<210> 485	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 485	
	cccgtcgag tcagaaccgg tagcctac	28
30	<210> 486	
	<211> 41	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 486	
	cgcgatccg gtggtggtgg ttcagattg gcaaacgatt c	41
45	<210> 487	
	<211> 32	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 487	
	cccgtcgag ttacgtatca tatttcacgt gc	32
60	<210> 488	
	<211> 31	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 488		
	cgcgatccc atatggccac aagegacgac g		31
10	<210> 489		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 489		
	cccgctcgag ccaactgtaa ttgacgcc		28
25	<210> 490		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 490		
	cgcgatccc atatggccac aaacgacgac		30
40	<210> 491		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 491		
	cccgctcgag tgctttggcg gcaaagtt		28
55	<210> 492		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 492		
	cgcgatccc atatggccac aaacgacgac		30

ES 2 281 409 T3

	<210> 493	
	<211> 37	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 493	
	cccgctcgag ttagcaata ttatctttgt tcgtagc	37
15	<210> 494	
	<211> 32	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 494	
	cgcggatccc atatgaaaagc aaaccgtgcc ga	32
30	<210> 495	
	<211> 28	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 495	
	cccgctcgag ccaactgtaa ttgacgcc	28
45	<210> 496	
	<211> 61	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 496	
	ggggacæagt ttgtæcaaaa aagcaggtctg cægccacaaa cgacgacgat gttæaaaaag	50
60	c	61
	<210> 497	
	<211> 61	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> Oligonucleótido

5 <400> 497

ggggaccact ttgtacaaga aagctggggtt taccactcgt aattgacgcc gacatggtag 60
g 61

10

<210> 498

<211> 31

15 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

20 <223> Oligonucleótido

<400> 498

25 gcgccatat ggcagcaaaa gacgtacagt t 31

<210> 499

<211> 33

30 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

35 <223> Oligonucleótido

<400> 499

40 gggcctcga gttacatcat gccgccata cca 33

<210> 500

<211> 31

45 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

50 <223> Oligonucleótido

<400> 500

55 cgcggatccg ctagcttagg cggcggcgga g 31

<210> 501

<211> 26

60 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

65 <223> Oligonucleótido

ES 2 281 409 T3

	<400> 501	
	cccgctcgag gaaccggtag cctacg	26
5	<210> 502	
	<211> 29	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 502	
	cccctagcta gcacttctgc gcccgactt	29
20	<210> 503	
	<211> 29	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 503	
	cccgctcgag gaaccggtag cctacg	26
35	<210> 504	
	<211> 31	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 504	
	cgcggatccg ctacttagg cggcggcgga g	31
50	<210> 505	
	<211> 26	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 505	
	cccgctcgag gaaccggtag cctacg	26
65	<210> 506	
	<211> 32	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 506	
10	cgcgatccg ctgaccttc tgcgcccgcac tt	32
	<210> 507	
15	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 507	
25	cccgtcgcgag gaaccggtag cctacg	26
	<210> 508	
30	<211> 50	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 508	
40	cgcgatccg ctgcccgaac gaccccaacc ttcctacaa aaacttcaa	50
	<210> 509	
45	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 509	
55	cccgtcgcgag tcagaaccga cgtgccaagc cgttc	35
	<210> 510	
60	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 510	
	gccgcatat gccccactg gaagaacgga cg	32
5	<210> 511	
	<211> 35	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 511	
	gccgcctcga gtaataaacc ttctatgggc agcag	35
20	<210> 512	
	<211> 31	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 512	
	cgcggatccc atatgtccgt ccacgatcc g	31
35	<210> 513	
	<211> 31	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 513	
	cccgcctcag ttgaattg taggtgtatt g	31
50	<210> 514	
	<211> 29	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 514	
	cgcggatccc atatgacccc ttcgcact	29
65	<210> 515	
	<211> 32	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 515	
10	cccgctcgag ttatttgaat ttgtaggtgt at	32
	<210> 516	
15	<211> 33	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 516	
25	cgcgatccc atatgaaaac caattcagaa gaa	33
	<210> 517	
30	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 517	
40	cccgctcgag tccacagaga ttgtttcc	28
	<210> 518	
45	<211> 17	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 518	
55	gatgcccgaa gggcggg	17
	<210> 519	
60	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 519	
	gccaagctt tcagaagaag acttcacgc	29
5	<210> 520	
	<211> 36	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 520	
	cgcgatccc atatgcaaac ccataaatac gctatt	36
20	<210> 521	
	<211> 29	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 521	
	gccaagctt gaagaagact tcacgccag	29
35	<210> 522	
	<211> 35	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 522	
	cgcgatccc atatggtctt tttegacaat accga	35
50	<210> 523	
	<211> 10	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 523	
	gccaagctt	10
65	<210> 524	
	<211> 36	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 524	
10	cgcgatccc atatgaataa aacttataaa aggcgg	36
	<210> 525	
15	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 525	
25	gcccaagctt tcagaagaag acttcacgc	29
	<210> 526	
30	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 526	
40	cgcgatccc atatgttcga tcttgattct gtcga	35
	<210> 527	
45	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 527	
55	cccgctcgag tcgcacagc tgttggcg	28
	<210> 528	
60	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 528	
	cgcgaaatccc atatgtggg cggaggcggc ag	32
5	<210> 529	
	<211> 28	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 529	
	cccgctcgag tcgcacaggc tgtggcg	28
20	<210> 530	
	<211> 32	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 530	
	cgcgaaatccc atatgtggg cggaggcggc ag	32
35	<210> 531	
	<211> 28	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 531	
	cccgctcgag tcgcacaggc tgtggcg	28
50	<210> 532	
	<211> 33	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 532	
	cgcgaaatccc atatggcaaa tttggaggtg cgc	33
65	<210> 533	
	<211> 327	

ES 2 281 409 T3

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 533	
10	cccgctcgag ttcggagcgg ttgaagc	27
	<210> 534	
15	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 534	
25	cgcgatccc atatgcaacg tcgtattata accc	34
	<210> 535	
30	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 535	
40	cccgctcgag ttattcggag cggftgaag	29
	<210> 536	
45	<211> 42	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 536	
55	cgcgatccc atatgggcat caaagtcgcc atcaacggct ac	42
	<210> 537	
60	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Oligonucleótido	

ES 2 281 409 T3

	<400> 537	
	cccgctcgag ttgagcggg cgcactcaa gtccg	35
5	<210> 538	
	<211> 33	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
15	<400> 538	
	cgcgatccc atatggcgg cagcgaaaa aac	33
20	<210> 539	
	<211> 28	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
30	<400> 539	
	cccgctcgag gttggtcgg actttgat	28
35	<210> 540	
	<211> 31	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
45	<400> 540	
	cgcgatccc atatggcgg cggaagcga a	31
50	<210> 541	
	<211> 27	
	<212> ADN	
55	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
60	<400> 541	
	cccgctcgag ttgcccgt ttgagcc	27
65	<210> 542	
	<211> 33	

ES 2 281 409 T3

<212> ADN
 <213> Secuencia artificial

5 <220>
 <223> Oligonucleótido

<400> 542

10 cgcggatccc atatgggcaa atccgaaaat acg 33

<210> 543
 15 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

20 <220>
 <223> Oligonucleótido

<400> 543

25 cccgctcgag catcccgtae tgtttcg 27

<210> 544
 30 <211> 62
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

35 <220>
 <223> Oligonucleótido

<400> 544

40 **ggggacaagt ttgtaca^{aa}aaa aagcagggtc cgcattacc gtgtacaacg gccaca^{aa}aag** 60
 aa 62

45 <210> 545
 <211> 61
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

50 <220>
 <223> Oligonucleótido

55 <400> 545

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ttatttcata ccggtttgct caagcagccg 60
 g 62

60 <210> 546
 <211> 61
 <212> ADN
 65 <213> Secuencia artificial

<220>

ES 2 281 409 T3

	<223> Oligonucleótido	
	<400> 546	
5	<pre> ggggacaagt ttgtacaaa aagcaggctg atacgggtt ttctgtaaa acggacaaca a </pre>	60 61
	<210> 547	
10	<211> 60	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 547	
20	<pre> ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc taggaaaat cgatcatggt gaaattcgc </pre>	60
	<210> 548	
25	<211> 47	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 548	
35	<pre> ggggacaagt ttgtacaaa aagcaggcta tgcacccat cgaacc </pre>	47
	<210> 549	
40	<211> 47	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
	<400> 549	
50	<pre> ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc tagtettgca gtgcctc </pre>	47
	<210> 550	
55	<211> 41	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 550	
	<pre> cgcgatccc atatgggaaa ttcttatat agaggcatta g </pre>	41

ES 2 281 409 T3

	<210> 551	
	<211> 40	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 551	
	cccgctcgag gtaatttct atcaactctt tagcaataat	40
15	<210> 552	
	<211> 31	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 552	
	cgcggatccc atatggcctg ccaagacgac a	31
30	<210> 553	
	<211> 31	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 553	
	cgcggatccc atatggcaga gatctgttg ataa	34
45	<210> 554	
	<211> 34	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 554	
	cccgctcgag cggtttccg cccaatg	27
60	<210> 555	
	<211> 27	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 555		
	cgcggatccc atatgcagcc ggatacggtc		30
10	<210> 556		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 556		
	cgcggatccc atatgcagcc ggatacggtc		30
25	<210> 557		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 557		
	cccgctcgag aatcacttcc aacacaaaat		30
40	<210> 558		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 558		
	cgcggatccc atatgtgggtt gctgatgaag ggc		33
55	<210> 559		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 559		
	cccgctcgag gactgcttca tcttctgc		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 560	
	<211> 34	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 560	
	cgcgatccc atatggaact gatgactgtt ttgc	34
15	<210> 561	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 561	
	cccgctcgag tcagactgct tcattctt	29
30	<210> 562	
	<211> 45	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 562	
	cgcgatccc atatgagcat taaagtagcg attaacggtt tcggc	45
45	<210> 563	
	<211> 45	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 563	
	cccgctcgag gatttgcct gcgaagtatt ccaaagtgcg	40
60	<210> 564	
	<211> 32	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 564		
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaactcg gc		32
10	<210> 565		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 565		
	cggggatcca tctgtctctt tttgcccgg		29
25	<210> 566		
	<211> 42		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 566		
	cgcggatccg gtggtggtgg tcaaagcaag agcatccaaa cc		42
40	<210> 567		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 567		
	cccaagcttt tcgggcggtta ttcgggcttc		30
55	<210> 568		
	<211> 39		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 568		
	cgcggatccg gtggtggtgg tgccacctac aaagtggac		39

ES 2 281 409 T3

<210> 569
<211> 28
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 569
gccaagctt ttgttgct gcctgat 28

<210> 570
<211> 34
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 570
cgcgatccg gtggtggtg tacaagcgc gacg 34

<210> 571
<211> 28
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 571
gccaagctt cactcgtaa ttgacgcc 28

<210> 572
<211> 41
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 572
cgcgatccg gtggtggtg tcagattg gaaacgatt c 41

<210> 573
<211> 28
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 573		
	cccaagcttc gtatcatatt tcactgtc		28
10	<210> 574		
	<211> 44		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 574		
	cccaagcttg gtggtggtgg tggttcagat ttggcaaacg attc		44
25	<210> 575		
	<211> 29		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 575		
	cccgctcgag cgtatcatat ttcactgtc		29
40	<210> 576		
	<211> 45		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 576		
	cccaagcttg gtggtggtgg tggtaaagc aagagcatcc aaacc		45
55	<210> 577		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 577		
	cccgctcgag cgggcggtat teggctt		28

ES 2 281 409 T3

	<210> 578	
	<211> 32	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 578	
	cgcggatccg ctagccccga tgtaaactcg gc	32
15	<210> 579	
	<211> 29	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 579	
	cgggatcca tctgctctt tttgccgg	29
30	<210> 580	
	<211> 29	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 580	
	cgcggatccg ctagcggaca cactatttc ggcatac	36
45	<210> 581	
	<211> 30	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 581	
	cgcggatccc cagcggtagc ctaattgat	30
60	<210> 582	
	<211> 41	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
5	<400> 582	
	cgcggatccg gtggtggtgg ttcagattg gcaaacgatt c	41
10	<210> 583	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
20	<400> 583	
	cccaagcttc gtatcatatt tcaactgc	28
25	<210> 584	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
35	<400> 584	
	gcggcgtcga cgggtggcga ggcactggat cctcag	36
40	<210> 585	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
50	<400> 585	
	ggaggcactg gatcctcaga ttggcaaac gattc	35
55	<210> 586	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 586	
	cccgtcgcag cgtatcatat tcaactgc	29

ES 2 281 409 T3

	<210> 587	
	<211> 33	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 587	
	ggaattccat atgtcagatt tggcaaacga ttc	33
15	<210> 588	
	<211> 28	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 588	
	cgggatccc gtatcatatt tcacgtgc	28
30	<210> 589	
	<211> 25	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 589	
	cggggatccg ggggcggcgg tggcg	25
45	<210> 590	
	<211> 30	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 590	
	ccaagctta tctgctctt tttgcccgc	30
60	<210> 591	
	<211> 42	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
5	<400> 591		
	cgcggatccg gtggtggtgg tcaaagcaag agcatccaaa cc		42
10	<210> 592		
	<211> 28		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
20	<400> 592		
	cccaagcttc gggcgttatt cgggcttc		28
25	<210> 593		
	<211> 26		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
35	<400> 593		
	ccccaagctt gggggcggcg gtggcg		26
40	<210> 594		
	<211> 31		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
50	<400> 594		
	cccgtcgcag atcctgctct ttttgccgg c		31
55	<210> 595		
	<211> 45		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido		
65	<400> 595		
	cccaagcttg gtggtggtgg tggtaaagc aagagcatcc aaacc		45

ES 2 281 409 T3

	<210> 596	
	<211> 28	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
10	<400> 596	
	cccgctcgag cgggcggtat tcgggctt	28
15	<210> 597	
	<211> 35	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
25	<400> 597	
	ggaggcactg gatccgcagc cacaacgac gacga	35
30	<210> 598	
	<211> 36	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
40	<400> 598	
	gcggcctcga ggtggcgga ggcactggat ccgcag	36
45	<210> 599	
	<211> 28	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
55	<400> 599	
	cccgctcgag acccagcttg taaggttg	28
60	<210> 600	
	<211> 35	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 409 T3

	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
5	<400> 600	
	ggaggcactg gatccgcagc cacaacgac gacga	35
10	<210> 601	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
20	<400> 601	
	gcggcctcga ggggtggcga ggcactggat cgcag	36
25	<210> 602	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
35	<400> 602	
	cccgtcgcag ccaactgtaa ttgacgcc	28
40	<210> 603	
	<211> 38	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
50	<400> 603	
	gcggcctcga gggatccggc ggagcggca cttctgcg	38
55	<210> 604	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 604	
	cccgtcgcag gaaccgtag cctacg	26

ES 2 281 409 T3

<210> 605
<211> 35
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 605

ggaggcactg gatcctcaga ttggcaaac gattc 35

15
<210> 606
<211> 37
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 606

cgggcgtcga cgggtggcgga ggcactggat cctcaga 37

30
<210> 607
<211> 29
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 607

cccgctcgag cgtatcatat ttcacgtgc 29

45
<210> 608
<211> 35
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 608

gcggcctcga gggatccgga gggggtggtg tcgcc 35

60
<210> 609
<211> 25
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
5	<400> 609	
	cccgctcgag ttgcttgccg gcaag	25
10	<210> 610	
	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
20	<400> 610	
	ggaggcactg gatccgcagc cacaacgac gacga	35
25	<210> 611	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
35	<400> 611	
	gcggcctcga ggggtggcga ggcactggat ccgcag	36
40	<210> 612	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
50	<400> 612	
	cccgctcgag acccagcttg taagggtg	28
55	<210> 613	
	<211> 35	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido	
65	<400> 613	
	ggaggcactg gatccgcagc cacaacgac gacga	35

ES 2 281 409 T3

<210> 614
<211> 36
<212> ADN
5 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
10
<400> 614

gcggcctcga gggggcgga ggcactggat ccgcag 36

15
<210> 615
<211> 28
<212> ADN
20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
25
<400> 615

cccgcctcga ccaactgtaa ttgacgcc 28

30
<210> 616
<211> 35
<212> ADN
35 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
40
<400> 616

ggaggcactg gatcctcaga ttggcaaac gattc 35

45
<210> 617
<211> 37
<212> ADN
50 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido
55
<400> 617

gcggcgtcga cggggcgga ggcactggat cctcaga 37

60
<210> 618
<211> 29
<212> ADN
65 <213> Secuencia artificial

ES 2 281 409 T3

<220>

<223> Oligonucleótido

5 <400> 618

cccgctcgag cgtatcatat ttaactgac

29

10 <210> 619

<211> 488

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15

<220>

<223> MC58

20 <400> 619

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

25

Ala Cys Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp
20 25 30

30

Thr Leu Ser Lys Pro Ala Ala Pro Val Val Ser Glu Lys Glu Thr Glu
35 40 45

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 409 T3

Ala Lys Glu Asp Ala Pro Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro
50 55 60

5 Ser Ala Gln Gly Ser Gln Asp Met Ala Ala Val Ser Glu Glu Asn Thr
65 70 75 80

10 Gly Asn Gly Gly Ala Val Thr Ala Asp Asn Pro Lys Asn Glu Asp Glu
85 90 95

Val Ala Gln Asn Asp Met Pro Gln Asn Ala Ala Gly Thr Asp Ser Ser
100 105 110

15 Thr Pro Asn His Thr Pro Asp Pro Asn Met Leu Ala Gly Asn Met Glu
115 120 125

20 Asn Gln Ala Thr Asp Ala Gly Glu Ser Ser Gln Pro Ala Asn Gln Pro
130 135 140

Asp Met Ala Asn Ala Ala Asp Gly Met Gln Gly Asp Asp Pro Ser Ala
145 150 155 160

25 Gly Gly Gln Asn Ala Gly Asn Thr Ala Ala Gln Gly Ala Asn Gln Ala
165 170 175

Gly Asn Asn Gln Ala Ala Gly Ser Ser Asp Pro Ile Pro Ala Ser Asn
180 185 190

30 Pro Ala Pro Ala Asn Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu Ala
195 200 205

35 Asn Gly Val Leu Ile Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr His
210 215 220

Cys Lys Gly Asp Ser Cys Ser Gly Asn Asn Phe Leu Asp Glu Glu Val
225 230 235 240

40 Gln Leu Lys Ser Glu Phe Glu Lys Leu Ser Asp Ala Asp Lys Ile Ser
245 250 255

45 Asn Tyr Lys Lys Asp Gly Lys Asn Asp Lys Phe Val Gly Leu Val Ala
260 265 270

Asp Ser Val Gln Met Lys Gly Ile Asn Gln Tyr Ile Ile Phe Tyr Lys
275 280 285

50 Pro Lys Pro Thr Ser Phe Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala Arg Ser Arg
290 295 300

Arg Ser Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Phe Pro Val Asn Glu Ala Asp
305 310 315 320

55 Thr Leu Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly His Ser Gly
325 330 335

60 Asn Ile Phe Ala Pro Gln Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr Tyr Gly Ala
340 345 350

65

ES 2 281 409 T3

Glu Lys Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln Gly Glu Pro
 355 360 365
 5 Ala Lys Gly Glu Met Leu Ala Gly Ala Ala Val Tyr Asn Gly Glu Val
 370 375 380
 Leu His Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr Arg Gly Arg
 385 390 395 400
 10 Phe Ala Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp Gly Ile Ile
 405 410 415
 Asp Ser Gly Asp Asp Leu His Met Gly Thr Gln Lys Phe Lys Ala Ala
 15 420 425 430
 Ile Asp Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn Gly Ser Gly
 20 435 440 445
 Asp Val Ser Gly Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu Val Ala Gly
 450 455 460
 25 Lys Tyr Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly Phe Gly Val
 465 470 475 480
 Phe Ala Gly Lys Lys Glu Gln Asp
 485
 30 <210> 620
 <211> 427
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 35 <220>
 <223> 2996
 40 <400> 620
 Met Phe Glu Arg Ser Val Ile Ala Met Ala Cys Ile Phe Ala Leu Ser
 1 5 10 15
 45 Ala Cys Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Asp Val Lys Ser Ala Asp
 20 25 30
 Thr Leu Ser Lys Pro Ala Ala Pro Val Val Ala Glu Lys Glu Thr Glu
 50 35 40 45
 Val Lys Glu Asp Ala Pro Gln Ala Gly Ser Gln Gly Gln Gly Ala Pro
 50 55 60
 55 Ser Thr Gln Gly Ser Gln Asp Met Ala Ala Val Ser Ala Glu Asn Thr
 65 70 75 80
 Gly Asn Gly Gly Ala Ala Thr Thr Asp Lys Pro Lys Asn Glu Asp Glu
 60 85 90 95
 Gly Pro Gln Asn Asp Met Pro Gln Asn Ser Ala Glu Ser Ala Asn Gln
 100 105 110

ES 2 281 409 T3

Thr Gly Asn Asn Gln Pro Ala Asp Ser Ser Asp Ser Ala Pro Ala Ser
 115 120 125
 5 Asn Pro Ala Pro Ala Asn Gly Gly Ser Asn Phe Gly Arg Val Asp Leu
 130 135 140
 Ala Asn Gly Val Leu Ile Asp Gly Pro Ser Gln Asn Ile Thr Leu Thr
 145 150 155 160
 10 His Cys Lys Gly Asp Ser Cys Asn Gly Asp Asn Leu Leu Asp Glu Glu
 165 170 175
 Ala Pro Ser Lys Ser Glu Phe Glu Asn Leu Asn Glu Ser Glu Arg Ile
 180 185 190
 Glu Lys Tyr Lys Lys Asp Gly Lys Ser Asp Lys Phe Thr Asn Leu Val
 195 200 205
 20 Ala Thr Ala Val Gln Ala Asn Gly Thr Asn Lys Tyr Val Ile Ile Tyr
 210 215 220
 Lys Asp Lys Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Arg Phe Arg Arg Ser Ala
 225 230 235 240
 Arg Ser Arg Arg Ser Leu Pro Ala Glu Met Pro Leu Ile Pro Val Asn
 245 250 255
 30 Gln Ala Asp Thr Leu Ile Val Asp Gly Glu Ala Val Ser Leu Thr Gly
 260 265 270
 His Ser Gly Asn Ile Phe Ala Pro Glu Gly Asn Tyr Arg Tyr Leu Thr
 275 280 285
 35 Tyr Gly Ala Glu Lys Leu Pro Gly Gly Ser Tyr Ala Leu Arg Val Gln
 290 295 300
 Gly Glu Pro Ala Lys Gly Glu Met Leu Ala Gly Thr Ala Val Tyr Asn
 305 310 315 320
 Gly Glu Val Leu His Phe His Thr Glu Asn Gly Arg Pro Tyr Pro Thr
 325 330 335
 45 Arg Gly Arg Phe Ala Ala Lys Val Asp Phe Gly Ser Lys Ser Val Asp
 340 345 350
 Gly Ile Ile Asp Ser Gly Asp Asp Leu His Met Gly Thr Glu Lys Phe
 355 360 365
 50 Lys Ala Ala Ile Asp Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Trp Thr Glu Asn
 370 375 380
 Gly Gly Gly Asp Val Ser Gly Arg Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Glu Glu
 385 390 395 400
 Val Ala Gly Lys Tyr Ser Tyr Arg Pro Thr Asp Ala Glu Lys Gly Gly
 405 410 415
 60
 Phe Gly Val Phe Ala Gly Lys Lys Glu Gln Asp
 420 425
 65